

Systematique integrative des Chalcidiens (Hyménoptères) et régulation naturelle dans les agro-écosystèmes

Astrid Cruaud

Habilitation à Diriger des Recherches en Sciences du Vivant

Université Montpellier II

21 Octobre 2024



Thématique – Systématique intégrative

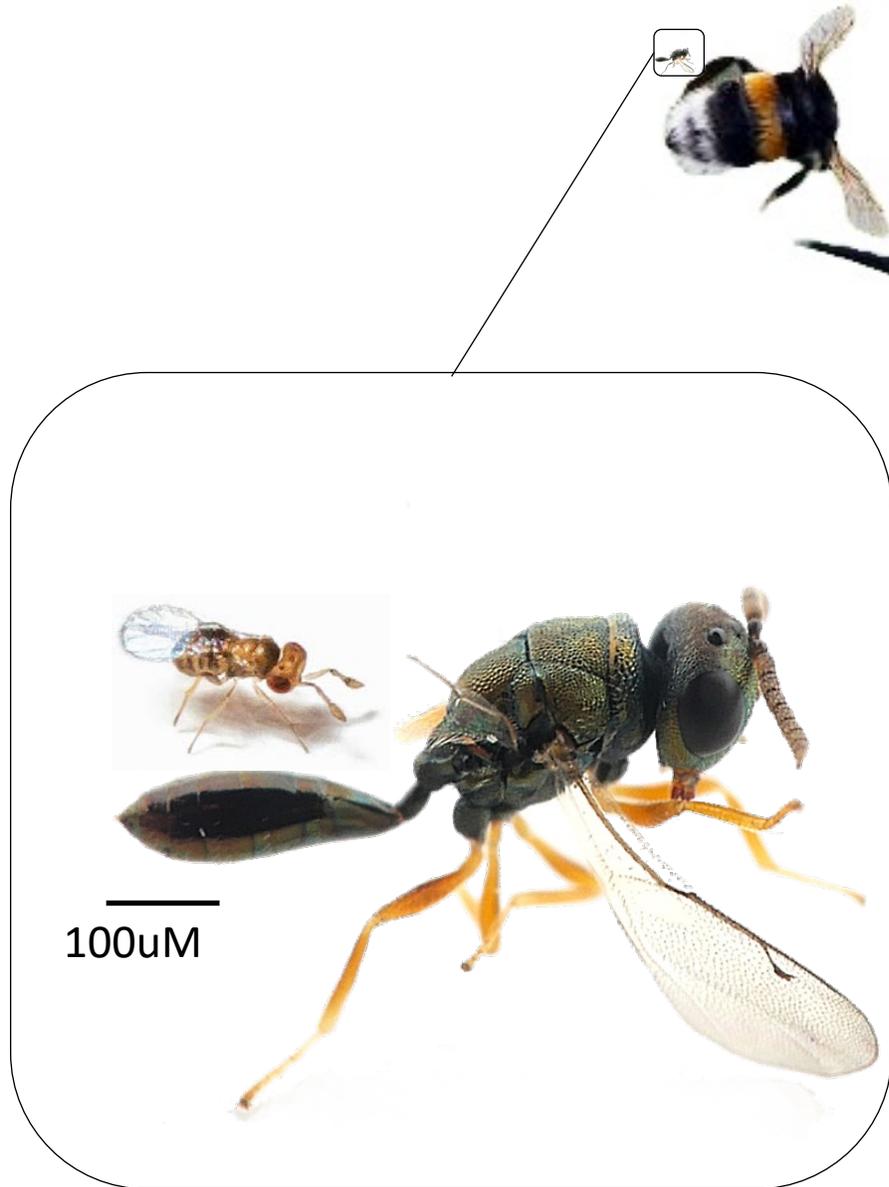
- Fin 2012 – Chargée de Recherche INRAE - CBGP
- Etablir des cadres évolutifs robustes en agrégeant des informations diverses (moléculaires, morphologiques, traits de vie) principalement sur des modèles insectes pour :
 - i) mieux définir les espèces et leur spectre d'hôte,
 - ii) mieux comprendre les règles d'assemblage des communautés et leur adaptation au changement global
- **Les connaissances tirées de ces travaux sont nécessaires aux études d'écologie et à la mise en place de programmes de lutte biologique**
- Direction de travaux sur les réseaux d'interactions plantes-insectes afin de mieux comprendre la transmission d'agents phytopathogènes vectés par les insectes dans les écosystèmes.

Modèles

- Hyménoptères **parasitoïdes & pollinisateurs** de la superfamille des chalcidiens (Chalcidoidea) [32 publications / 7 chapitres d'ouvrages] #Thèsedec2009 #Postdoc02-2011-2012
- Insectes **ravageurs** ou **vecteurs** d'agents phytopathogènes (e.g. scolytes du genre *Dendroctonus*; pucerons; chrysomèles *Epitrix*) [7 publications] #Postdoc01-2010-2011 #Postdoc03-2012
- **Indicateurs** de la santé des écosystèmes (*Carabus*) [2 publications]
- Groupes d'intérêt patrimonial (papillons de nuit) [2 publications]
- Vecteurs de pathogènes humains (phlébotomes - *Leshmania*) [1 publication]

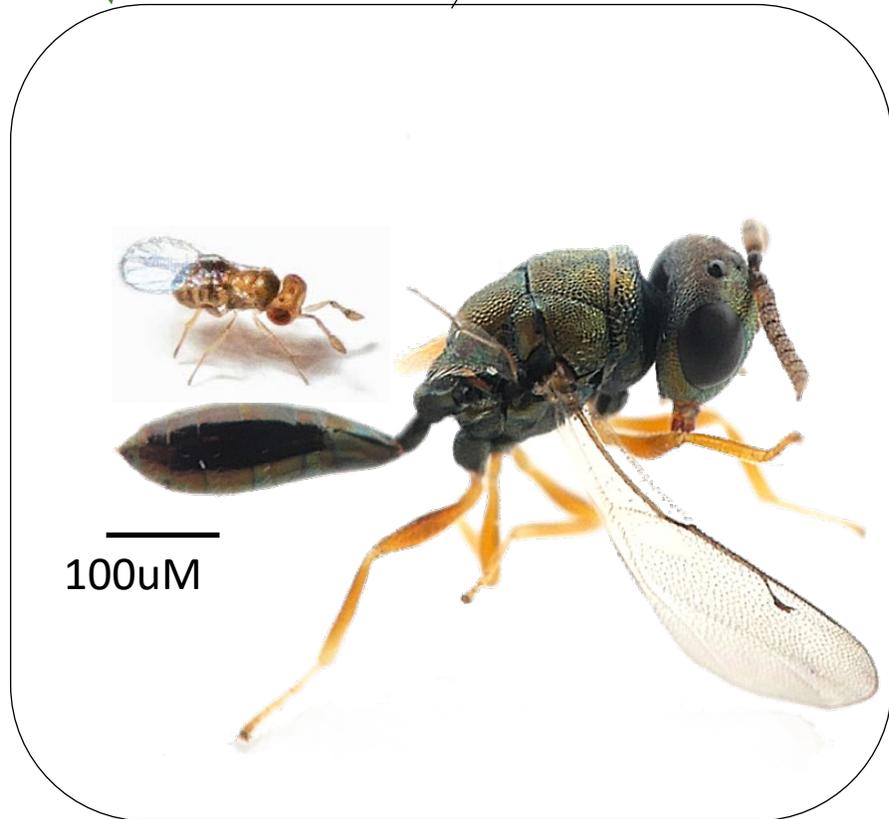


Petits – 0.1 à qq mm pour la plupart; 3cm pour les plus grands

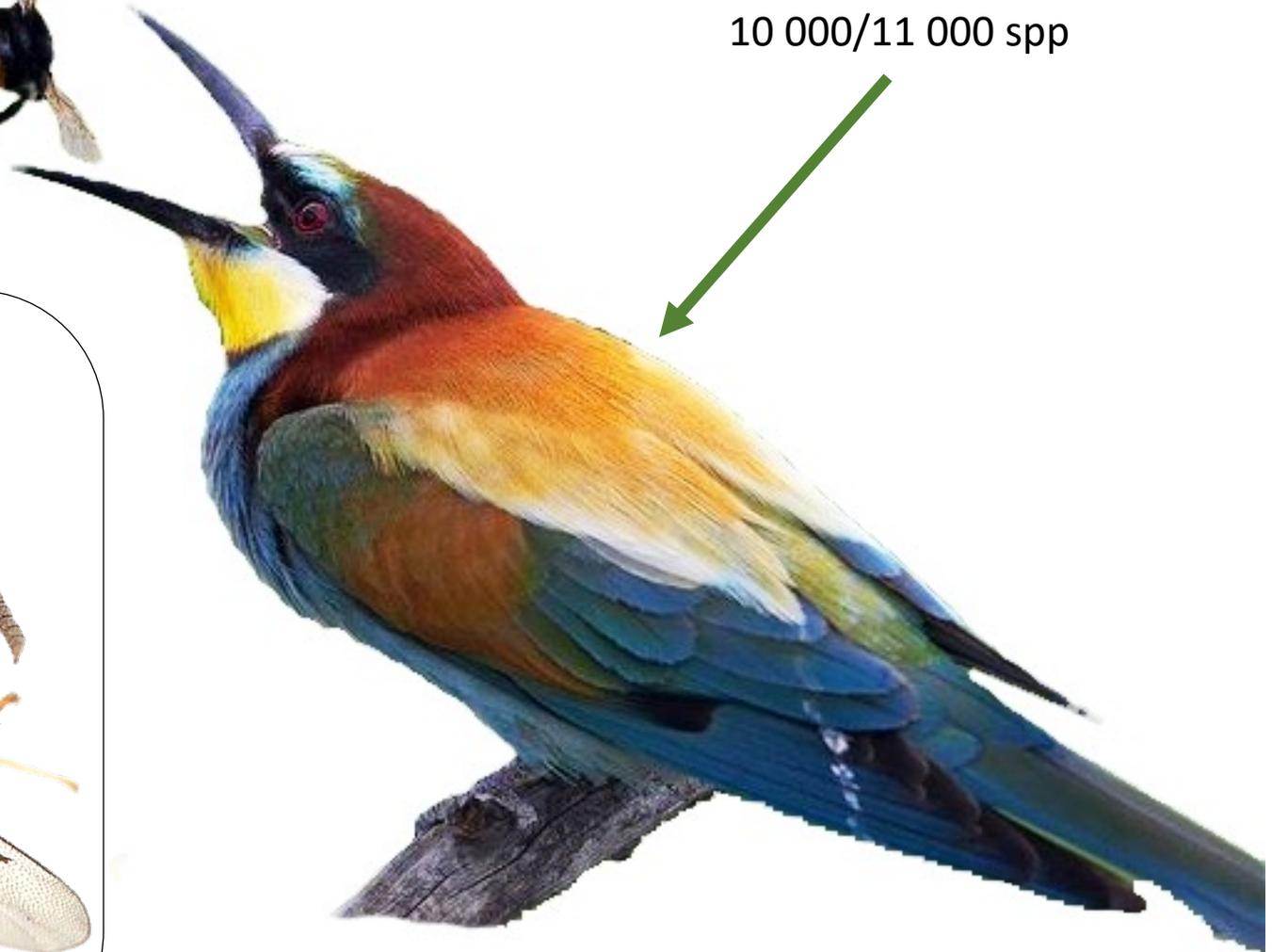
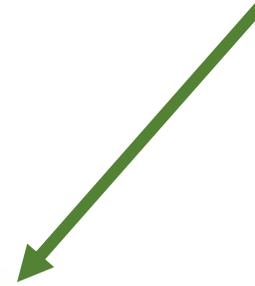


Ubiquistes et Divers

26 000 spp décrites
500 000 spp estimées



10 000/11 000 spp



Disparates (morphologie et biologie – plutôt parasitoïdes)



PELECINELLIDAE

♀ *Doddifoenus australiensis*
Parasitoid Xylophagous beetles?

©JYR&AC



APHELINIDAE

♀ *Aphelinus asychis*
ovipositing in aphid

©D. Crawford



ENCYRTIDAE ♀ *Xenoencyrtus hemipterus*

Egg parasitoid of Coreidae and Pentatomidae

©JYR&AC



EUCHARITIDAE ♀ *Schizaspidia* sp.
parasitoid of Formicidae

©W. Yuanda -Inaturalist

Régulateurs naturels, Lutte biologique, Agroécologie



Wood-boring beetles

©JYR&AC



Ticks

©Wikicommons



Scolytids

©B. Fabian



flies

©Friendly Flies



Membracids, Psyllids etc.

©P. Bertner



Mealy bugs

©Bioplanet

13 ordres d'insectes, arachnides & nématodes
Œufs, larves, pupes; plus rarement adultes



Eggs Butterflies and moths

©V. Fursov



Mantids, Coackroches etc.

©N. Bay



Pupae, larvae Butterflies & moths

© Gil Wizen

Phytophages Galligènes (2000 spp), qq ravageurs



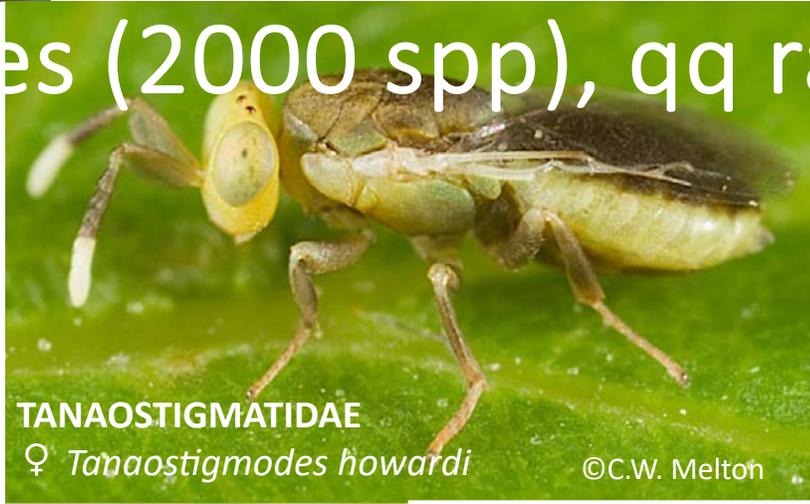
ORMYRIDAE ♀ *Asparagobius*
galler on *Asparagus*



©S. Adam



©T. Rebelo



TANAOSTIGMATIDAE

♀ *Tanaostigmodes howardi*

©C.W. Melton



MELANOSOMELLIDAE

♀ *Trichilogaster*
galler on *Acacia*

©JYR&AC



©JYR&AC



EPICHRYSOMALLIDAE

Galler in figs and *Ficus* leaves



ORMYRIDAE ♀ *Ormyrus tubulosus*
Ectoparasitoid larva in Cynipidae gall

©T. Brelstaff



©JYR&AC

Pollinisateurs (1000 spp / 1 famille)



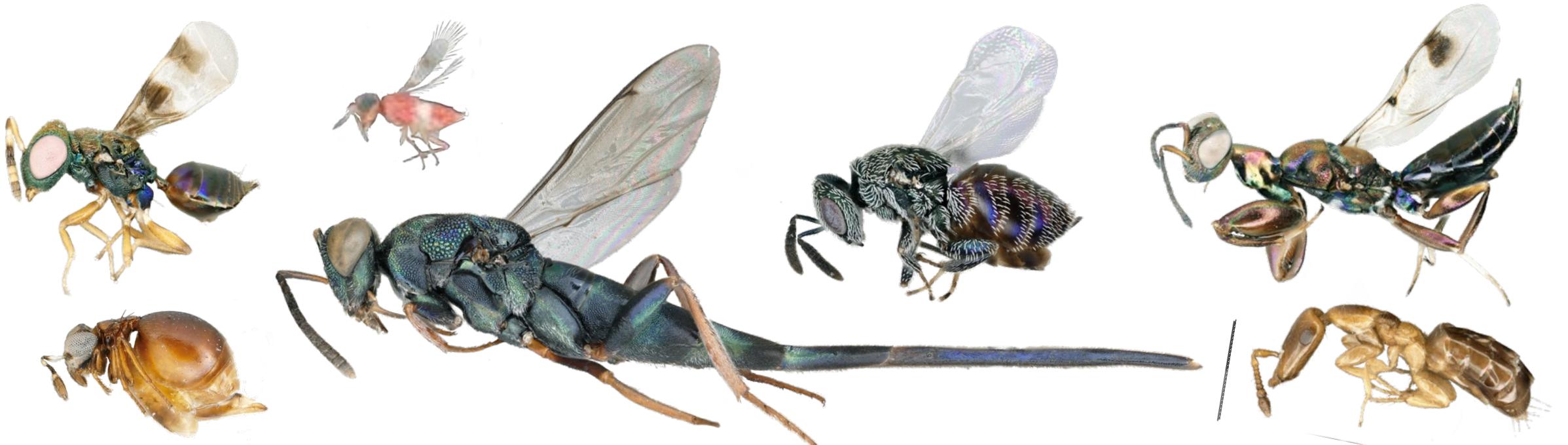
Pollinisation des fruits des Ficus (figuiers) – 800 spp mondiales
> 1200 spp oiseaux /mammifères consomment des figues
→ mutualisme ficus-chalcidien clef de voute des écosystèmes tropicaux

Phylogénie des chalcidiens



Questions explorées :

- La classification actuelle basée sur la morphologie est-elle valide ?
- Quelles sont les relations de parenté entre les différents groupes ?
- Age et tempo de diversification des chalcidiens ?



Reconstruire le « tree of life » des chalcidiens

2000

**MOLECULAR SYSTEMATICS OF THE
CHALCIDOIDEA USING 28S-D2 RDNA**

109 spp
Sanger 28S rDNA

B. Campbell¹, J. Heraty², J.-Y. Rasplus³, K. Chan¹,
J. Steffen-Campbell¹ and C. Babcock²

OPEN ACCESS Freely available online

PLoS one

2011

**A Molecular Phylogeny of the Chalcidoidea
(Hymenoptera)**

649 spp
Sanger 18-28S rDNA

James B. Munro¹, John M. Heraty^{1*}, Roger A. Burks¹, David Hawks¹, Jason Mottern¹, Astrid Cruaud¹,
Jean-Yves Rasplus², Petr Janšta³

WILEY-
BLACKWELL

Cladistics (2012) 1-77

Cladistics

10.1111/cla.12006

Post-doc USA

2013

**A phylogenetic analysis of the megadiverse Chalcidoidea
(Hymenoptera)**

283 spp
Sanger 18-28S rDNA
+ 233 morphological
characters

John M. Heraty^{a,*}, Roger A. Burks^{a,b}, Astrid Cruaud^{a,c}, Gary A. P. Gibson^d, Johan
Liljeblad^{a,c}, James Munro^{a,f}, Jean-Yves Rasplus^c, Gerard Delvare^e, Peter Janšta^h, Alex
Gumovsky¹, John Huber¹, James B. Woolley^k, Lars Krogmann¹, Steve Heydon^m, Andrew
Polaszek^o, Stefan Schmidt^o, D. Chris Darling^{p,q}, Michael W. Gates^f, Jason Mottern²,
Elizabeth Murray², Ana Dal Molin^k, Serguei Triapitsyn², Hannes Baur^s, John D. Pinto^{2,t},
Simon van Noort^{u,v}, Jeremiah George^a and Matthew Yoder^w



- 2 phylogénies moléculaires avant mon post-doc en 2011
- Les taxonomistes travaillent sur une matrice morphologique
- Codage caractères morphologiques et analyse des données pour produire une nulle hypothèse
- Phylogénie peu résolue pour les nœuds profonds

Reconstruire le « tree of life » des chalcidiens



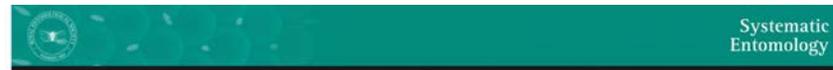
Transcriptome sequence-based phylogeny of chalcidoid wasps (Hymenoptera: Chalcidoidea) reveals a history of rapid radiations, convergence, and evolutionary success

Ralph S. Peters^{a,*}, Oliver Niehuis^{b,c}, Simon Gunkel^d, Marcel Bläser^e, Christoph Mayer^f, Lars Podsiadlowski^g, Alexey Kozlov^h, Alexander Donath^f, Simon van Noortⁱ, Shanlin Liu^{j,k,l}, Xin Zhou^{m,n}, Bernhard Misof^f, John Heraty^o, Lars Krogmann^{p,*}

2018

3,239 gènes codants (transcriptomes)

48 chalcids + outgroups



Systematic Entomology (2020), DOI: 10.1111/syen.12427

Conflicting signal in transcriptomic markers leads to a poorly resolved backbone phylogeny of chalcidoid wasps

JUNXIA ZHANG^{1,2}, AMELIA R.I. LINDSEY³, RALPH S. PETERS⁴, JOHN M. HERATY², KEITH R. HOPPER⁵, JOHN H. WERREN⁶, ELLEN O. MARTINSON^{6,7}, JAMES B. WOOLLEY⁸, MATT J. YODER⁹ and LARS KROGMANN^{10,11}

2020

5,591 gènes codants (transcriptomes)

65 chalcids + outgroups

- Équipe US / Allemagne ; Passage à des approches pangénomiques (transcriptomes)
 - ➔ Beaucoup de gènes
 - ➔ Peu de taxons max 65 spp (difficile d'analyser de manière critique les résultats moléculaires)

Reconstruire le « tree of life » des chalcidiens

Travail sur certaines familles

Capture d'UCEs et de leurs régions flanquantes (régions conservées /variables, gènes codants /non codants)

Optimisation des protocoles de biologie moléculaire

Développement de pipelines analytiques pour augmenter le nombre et la qualité des marqueurs analysés

Analyse de la morphologie => Mise en lumière de biais d'inférence pour les données moléculaires

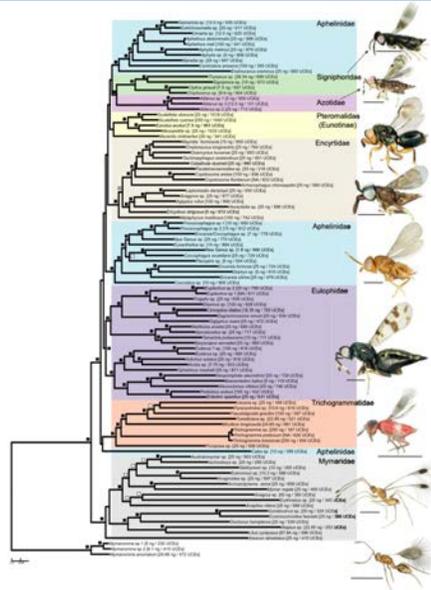
Received: 31 October 2018 | Revised: 18 January 2019 | Accepted: 1 February 2019
DOI: 10.1111/1755-0998.13006

RESOURCE ARTICLE

WILEY MOLECULAR ECOLOGY RESOURCES

Optimized DNA extraction and library preparation for minute arthropods: Application to target enrichment in chalcid wasps used for biocontrol

Astrid Cruaud¹ | Sabine Nidelet¹ | Pierre Arna^{1,2} | Audrey Weber³ | Lucian Fusu⁴ | Alex Gumovsky⁵ | John Huber⁶ | Andrew Polaszek⁷ | Jean-Yves Rasplus¹

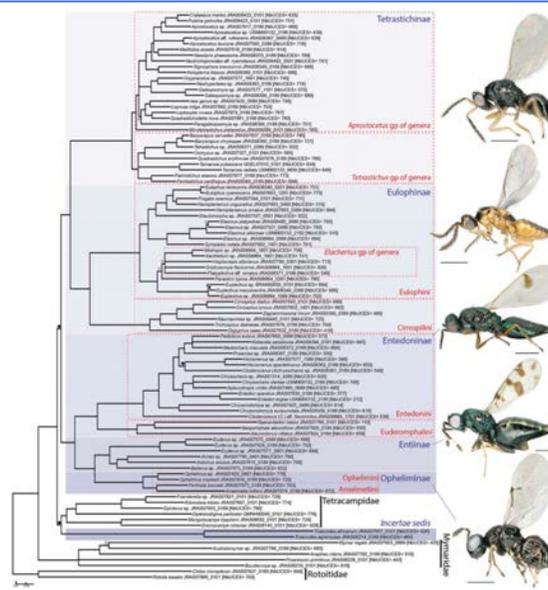


JOURNAL OF NATURAL HISTORY
2020, VOL. 54, NOS. 9–12, 597–609
<https://doi.org/10.1080/00222933.2020.1762941>

Taylor & Francis
Taylor & Francis Group

A first phylogenomic hypothesis for Eulophidae (Hymenoptera, Chalcidoidea)

Jean-Yves Rasplus^a, Bonnie B. Blaimer^b, Seán G. Brady^c, Roger A. Burks^d, Gérard Delvare^e, Nicole Fisher^f, Michael Gates^g, Nathalie Gauthier^h, Alex V. Gumovsky^{h,j}, Christer Hansson^l, John M. Heraty^{h,d}, Lucian Fusu^{h,m}, Sabine Nidelet^a, Rodrigo A.S. Pereiraⁿ, Laure Sauné^a, Rosichon Ubaidillah^k and Astrid Cruaud^a

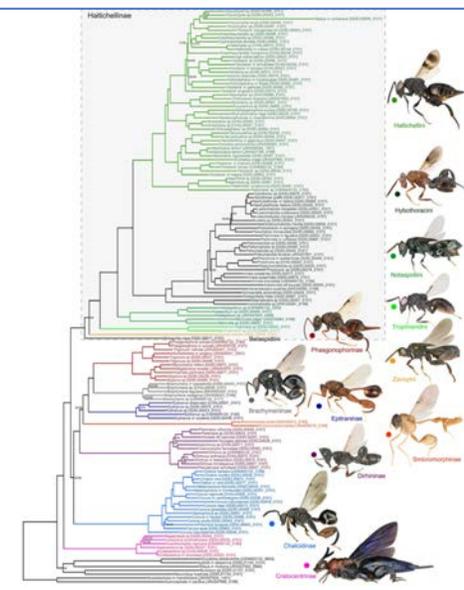


WILEY-BLACKWELL

Cladistics (2020) 1–35
10.1111/cl.12416

Ultra-Conserved Elements and morphology reciprocally illuminate conflicting phylogenetic hypotheses in Chalcidoidea (Hymenoptera, Chalcidoidea)

Astrid Cruaud^{a,†}, Gérard Delvare^{a,b,†}, Sabine Nidelet^a, Laure Sauné^a, Sujeevan Ratnasingham^c, Marguerite Chartois^a, Bonnie B. Blaimer^d, Michael Gates^e, Seán G. Brady^f, Sariana Faure^g, Simon van Noort^{h,i}, Jean-Pierre Rossi^a and Jean-Yves Rasplus^{a,*}



Reconstruire un « tree of life » juste – Biais systématiques

- Acquérir des jeux de données moléculaires énormes n'a jamais été si facile et peu cher
- Reconstruire des phylogénies morphologiques nécessite de définir /coder des caractères → fastidieux.
- Les transformations morphologiques adaptatives peuvent induire des convergences qui biaisent les relations
- Les données moléculaires ont souvent des propriétés en contradiction avec les hypothèses des modèles évolutifs utilisés (approximations) → inférence de topologies supportées mais fausses (biais systématiques).
- Pourtant peu d'études groupes-centrés considèrent l'existence de ces biais probablement par incapacité d'interpréter les résultats de manière critique sous le prisme de la morphologie
- Connaissance de la morphologie des espèces disparaît (plus de formation; non rentabilité des publications)



European Journal of Taxonomy 283: 1–25

<http://dx.doi.org/10.5852/ejt.2017.283>



Pitfalls in supermatrix phylogenomics

Hervé PHILIPPE^{1,*}, Damien M. de VIENNE², Vincent RANWEZ³,
Béatrice ROURE⁴, Denis BAURAIN⁵ & Frédéric DELSUC⁶

Statistics and Truth in Phylogenomics

Sudhir Kumar,^{*1,2} Alan J. Filipinski,¹ Fabia U. Battistuzzi,¹ Sergei L. Kosakovsky Pond,³ and Koichiro Tamura⁴

Mol. Biol. Evol. 29(2):457–472. 2012 doi:10.1093/molbev/msr202 Advance Access publication August 26, 2011 457

Reconstruire un « tree of life » juste – Biais systématiques

➤ En particulier les modèles assument l'évolution des séquences est :

- Stationnaire [fréquences marginales des nucléotides / acides aminés constantes dans le temps]
- Réversible [taux de substitution entre nucléotides / acides aminés égaux dans les 2 sens]
- Homogène [taux de substitution instantanés constants le long de l'arbre ou d'une branche]

➤ Ils supposent que les patterns évolutifs des sites et lignées sont homogènes

(relâche contrainte pour les sites : loi gamma /free rate /CAT – évolution avec vitesses différentes mais tps de calculs prohibitifs
pour les lignées ...hum ☹)

➔ Si vous trouvez un jeu de données qui respecte ces propriétés en particulier pour les groupes anciens je suis preneuse !

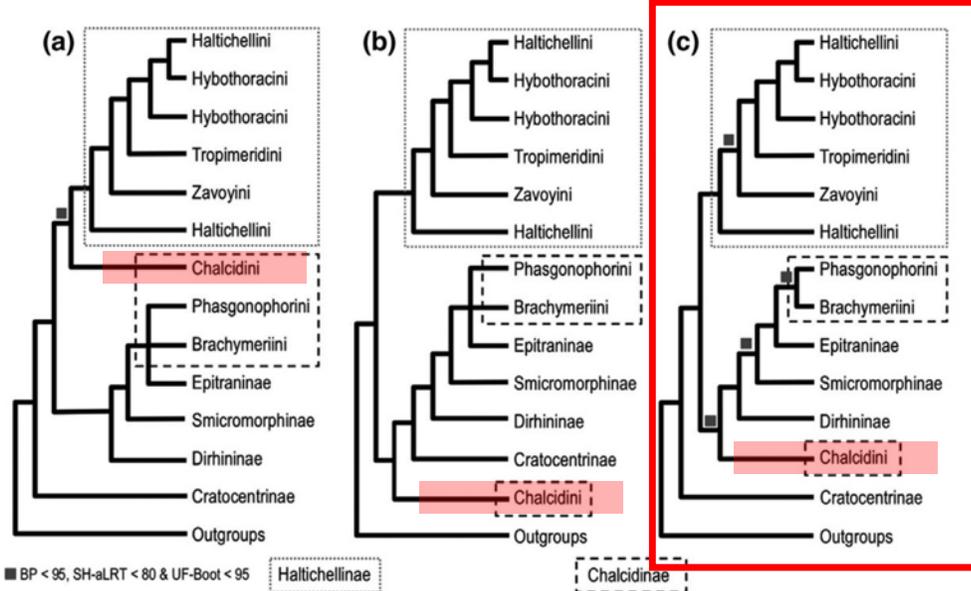
Exemple- Biais de composition



WILEY-BLACKWELL
 Cladistics (2020) 1–35
 10.1111/clc.12416

Ultra-Conserved Elements and morphology reciprocally illuminate conflicting phylogenetic hypotheses in Chalcidoidea (Hymenoptera, Chalcidoidea)

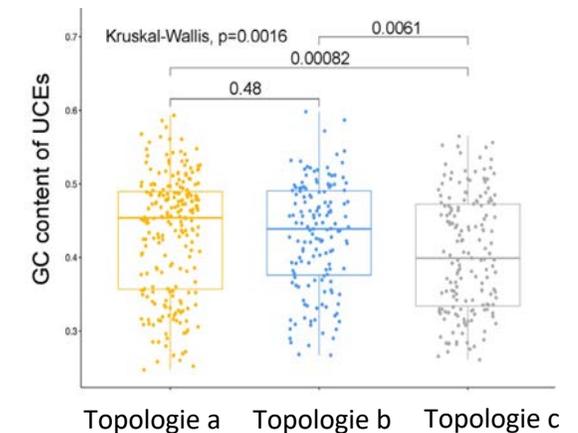
Astrid Cruaud^{a,†}, Gérard Delvare^{a,b,‡}, Sabine Nidelet^a, Laure Sauné^a, Sujeewan Ratnasingham^c, Marguerite Chartois^a, Bonnie B. Blaimer^d, Michael Gates^e, Seán G. Brady^f, Sariana Faure^g, Simon van Noort^{h,i}, Jean-Pierre Rossi^a and Jean-Yves Rasplus^{a,*}



Idem Morpho

- 538 UCEs // 130 caractères morphologiques
- 3 méthodes → 3 topologies UCEs
 - 1) Topo UCE idem morpho. n'est pas supportée par le plus gd nb d'UCEs
 - 2) UCEs qui supportent les topos en contradiction avec morpho. sont plus riches en GC (prop biaisante)
 - 3) Si on enlève les UCEs les plus riches en GC, toutes les méthodes infèrent la même topologie qui est celle de la morphologie

Topologie UCEs obtenue avec : (RaxML/IQ-TREE)	Réconciliation (ASTRAL)	Réconciliation (ASTRID)
Nb UCEs supportant topologie 220	151	167



La topologie obtenue à partir de l'ensemble des UCEs avec une méthode classique par « click bouton » est fautive ! Sans étude de la morphologie, nous aurions probablement privilégié un résultat faux ...

Let's join our efforts (from 2018) !

- Taxonomistes et Curatrices des musées (Europe, Afrique, Asie, Amériques)
- 419 espèces réparties dans l'ensemble des familles + 19 outgroups
- Equipe US : capture d'exons (#1007)
- Equipe France : capture d'UCEs (#1048)
- Equipe France : analyse critique de l'ensemble des données (exons & UCEs)
- Allers-retours avec la communauté des taxonomistes



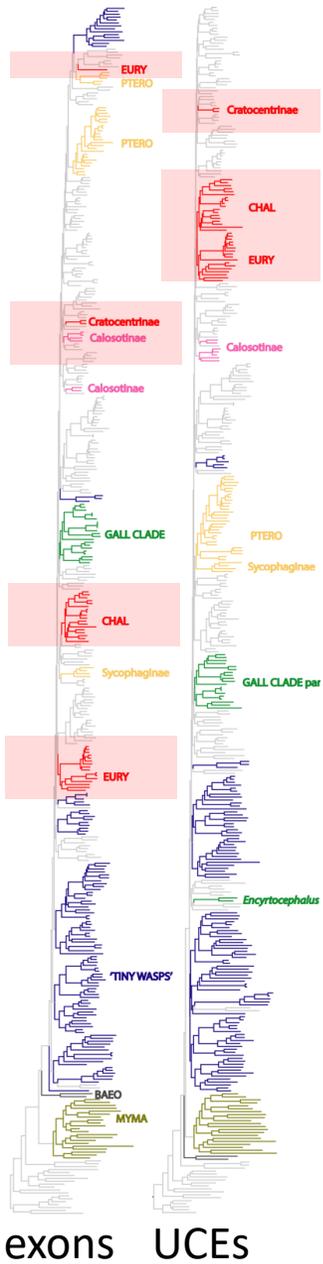
Jean-Yves



Sabine



Mauvais Départ

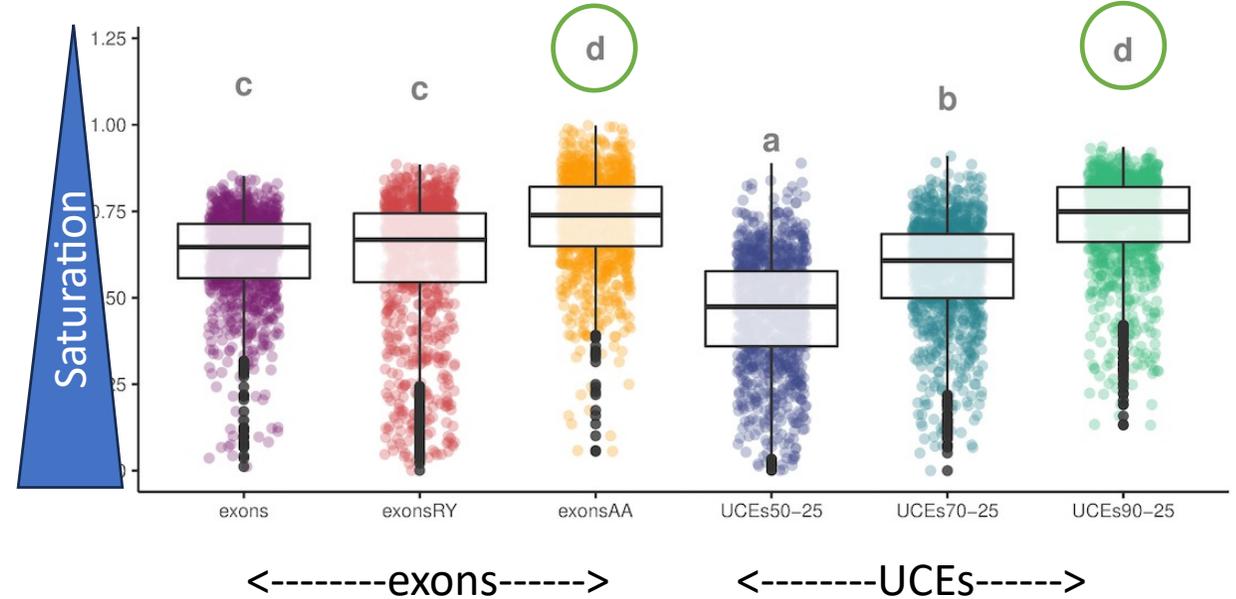
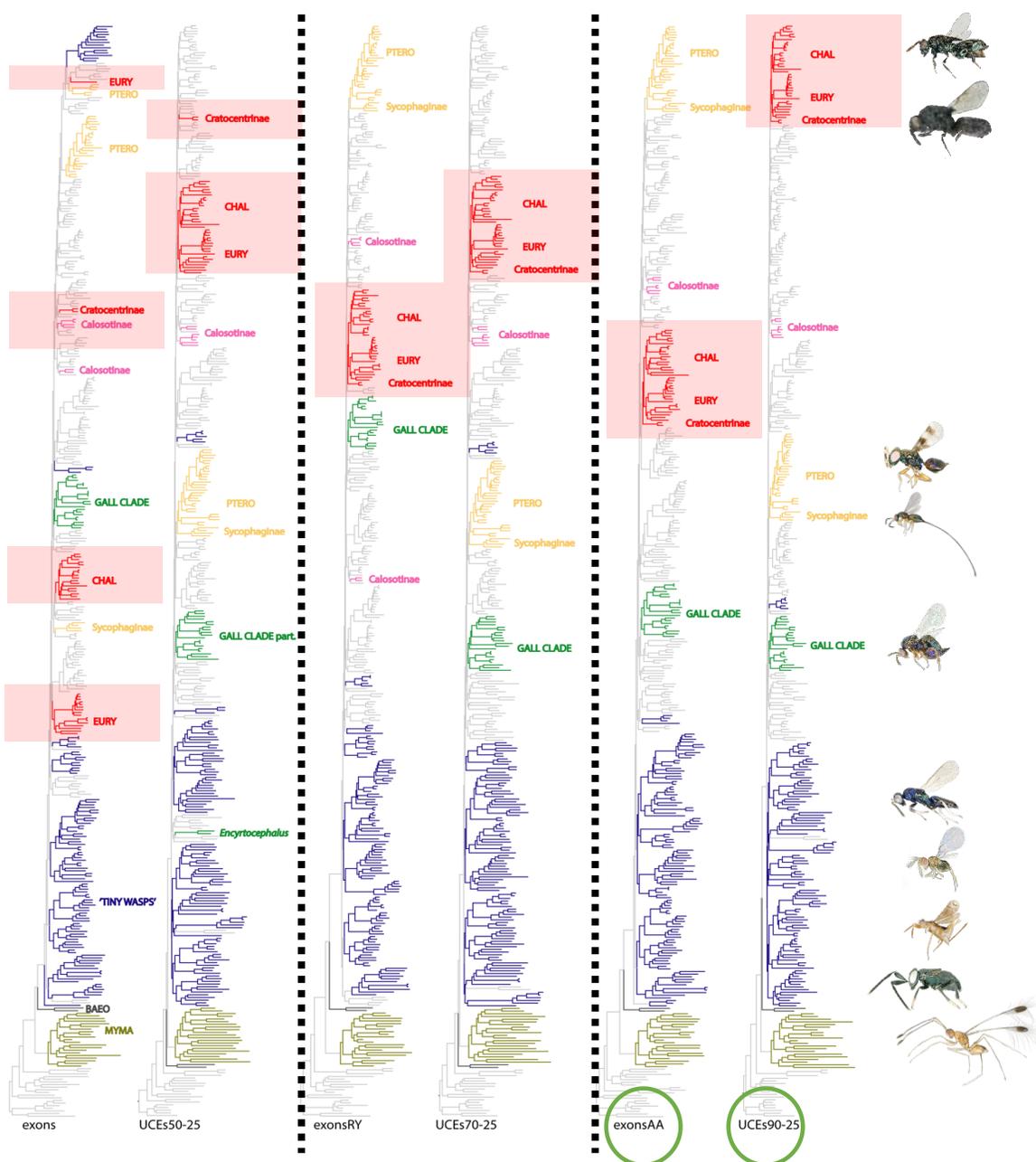


- Arbres exons – UCEs très différents
- Groupes indubitablement monophylétiques sur la base de la morphologie ne le sont pas avec les molécules (carrés rouges éparpillés)
- Jouer sur le taux de GC ne change rien
- Les molécules c'est nul !



Biais de saturation

Lorsque la saturation diminue, les topologies moléculaires (exons vs UCEs) convergent l'une vers l'autre et vers la morphologie (1 seul carré rouge entre autre)



Saturation

« tree of life » des chalcidiens

Combinaison des jeux de données
exons + UCEs
les moins saturés

2024

433 spp 356 gen.

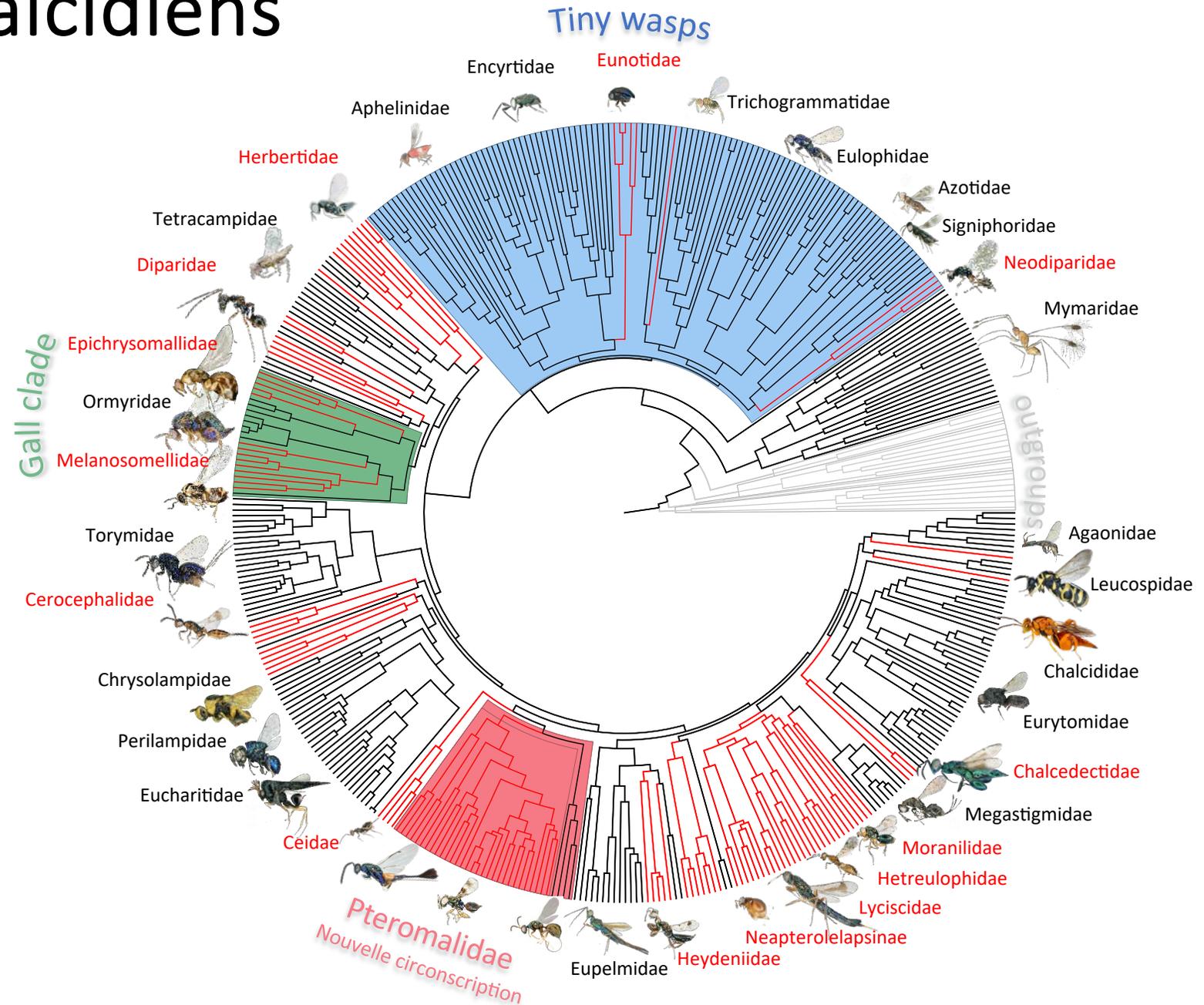
1007 exons+1047 UCEs

WILEY *Cladistics*

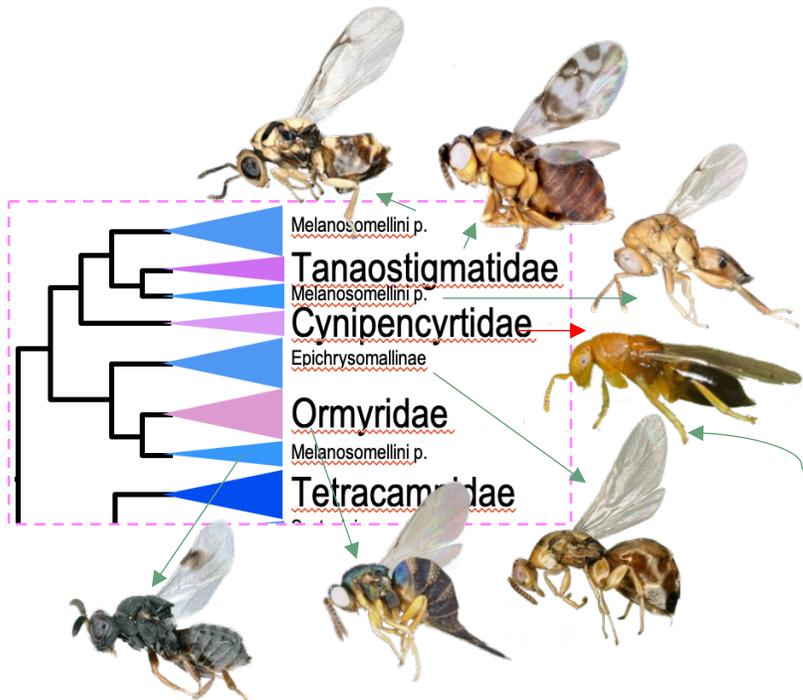
Cladistics (2023) 1–30
doi: 10.1111/clc.12561

The Chalcidoidea bush of life: evolutionary history of a massive radiation of minute wasps

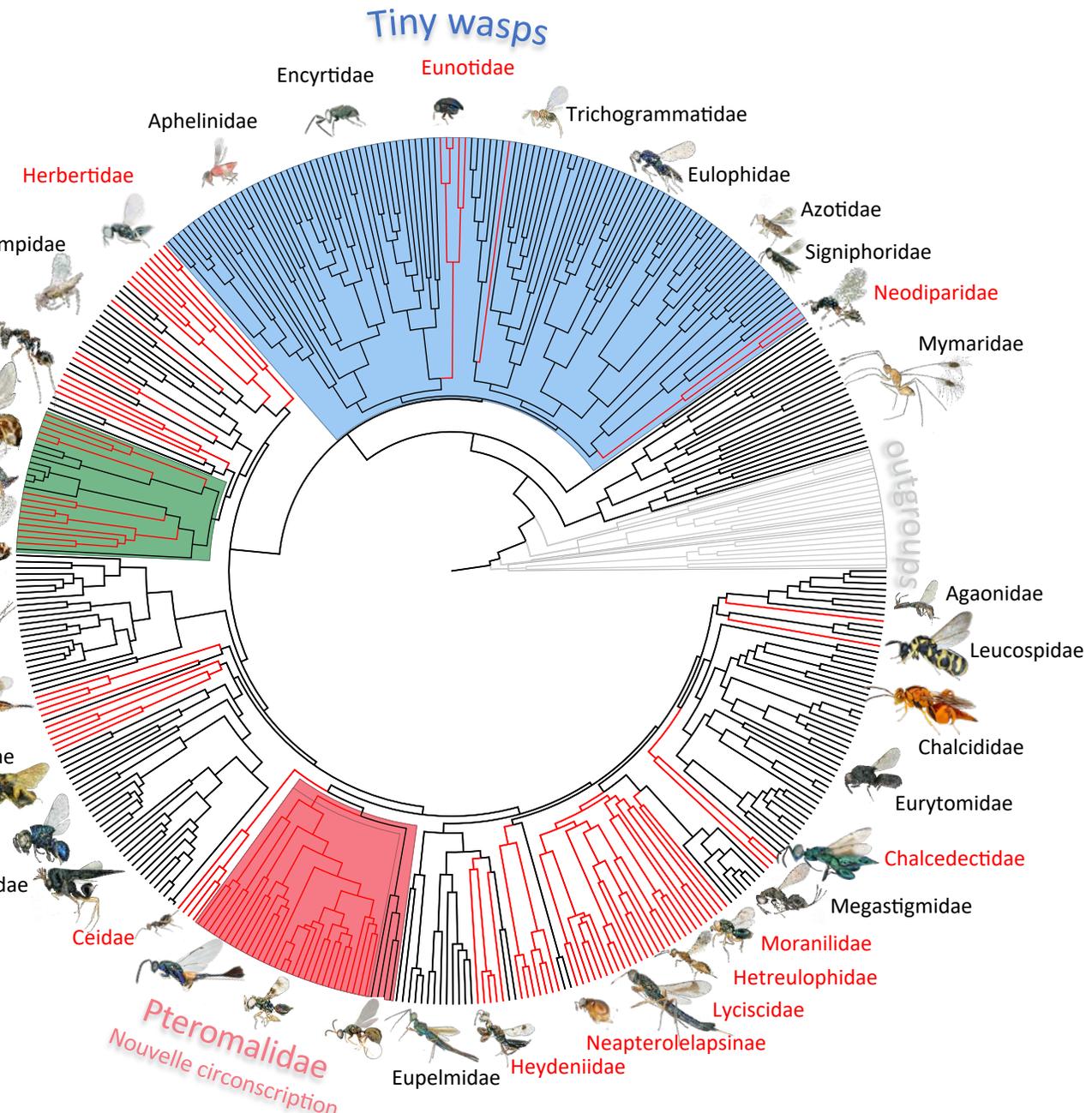
Astrid Cruaud^{a,f}, Jean-Yves Rasplus^{a,h,f}, Junxia Zhang^{b,c,f}, Roger Burks^c, Gérard Delvare^g, Lucian Fusu^d, Alex Gumovsky^e, John T. Huber^f, Petr Janšta^{g,h}, Mircea-Dan Mitroiu^d, John S. Noyesⁱ, Simon van Noort^{j,k}, Austin Baker^c, Julie Böhmová^g, Hannes Baur^{l,m}, Bonnie B. Blaimerⁿ, Seán G. Brady^o, Kristýna Bubeníková^g, Marguerite Chartois^d, Robert S. Copeland^{o,p}, Natalie Dale-Skey Papilloud^l, Ana Dal Molin^q, Chrysalyn Dominguez^c, Marco Gebiola^c, Emilio Guerrieri^{r,s}, Robert L. Kresslein^c, Lars Krogmann^{h,s}, Emily Lemmon^l, Elizabeth A. Murray^u, Sabine Nidelet^v, José Luis Nieves-Aldrey^y, Ryan K. Perry^w, Ralph S. Peters^x, Andrew Polaszek^l, Laure Sauné^g, Javier Torrén^z, Serguei Triapitsyn^c, Ekaterina V. Tselikh^c, Matthew Yoder^z, Alan R. Lemmon^z, James B. Woolley^{z,f} and John M. Heraty^{a,c,f}



La biologie est informative



Gall clade



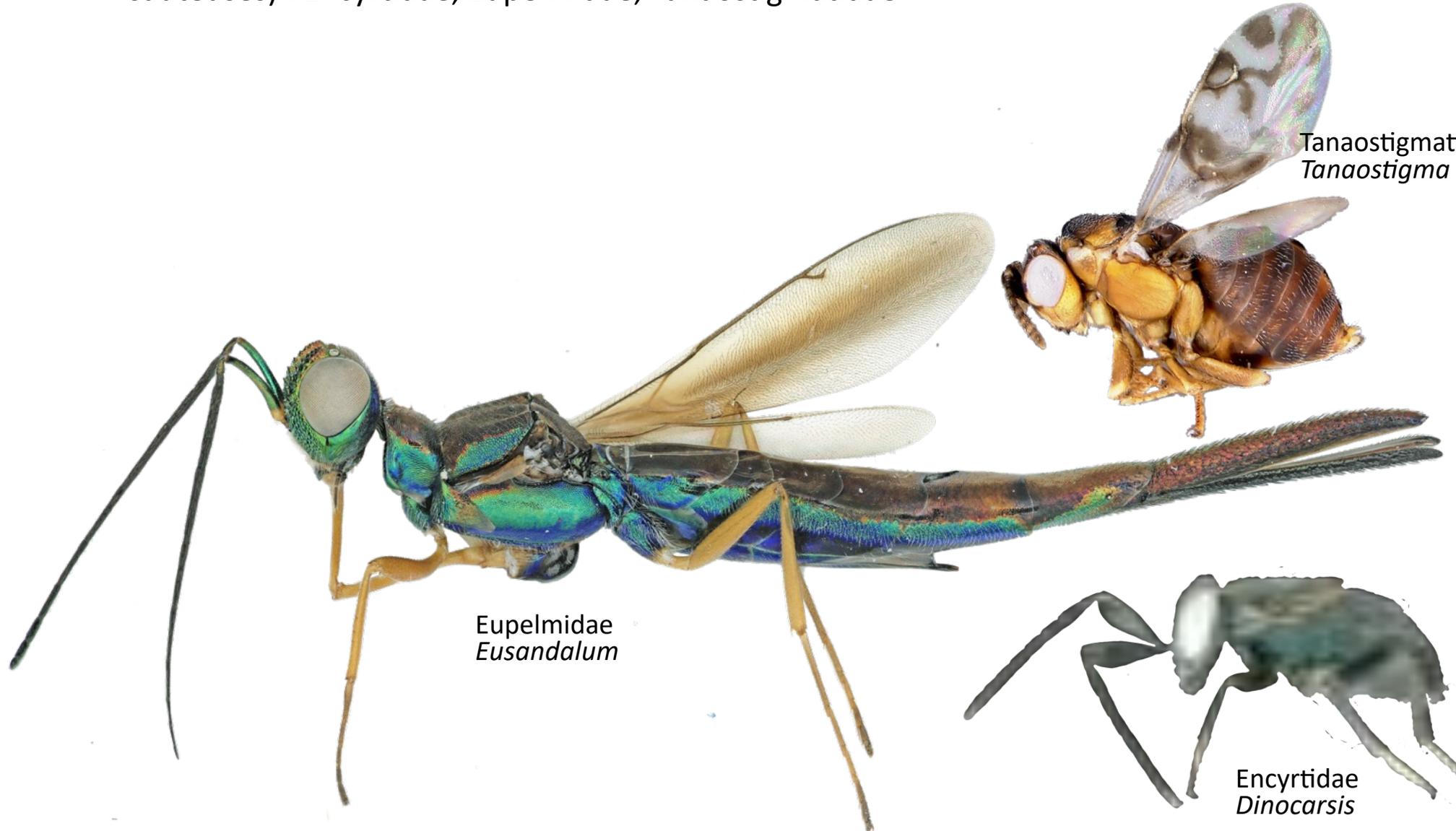
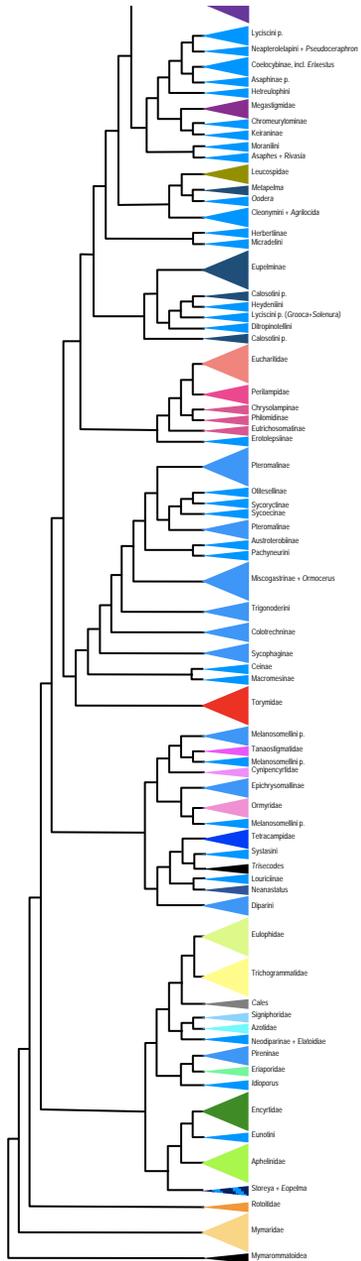
outgroups

- Galligènes (phytophages)
- Parasitoïdes de galligènes
- Pas d'apomorphie morphologique pour le « Gall clade »
- Degré de conservatisme de niche



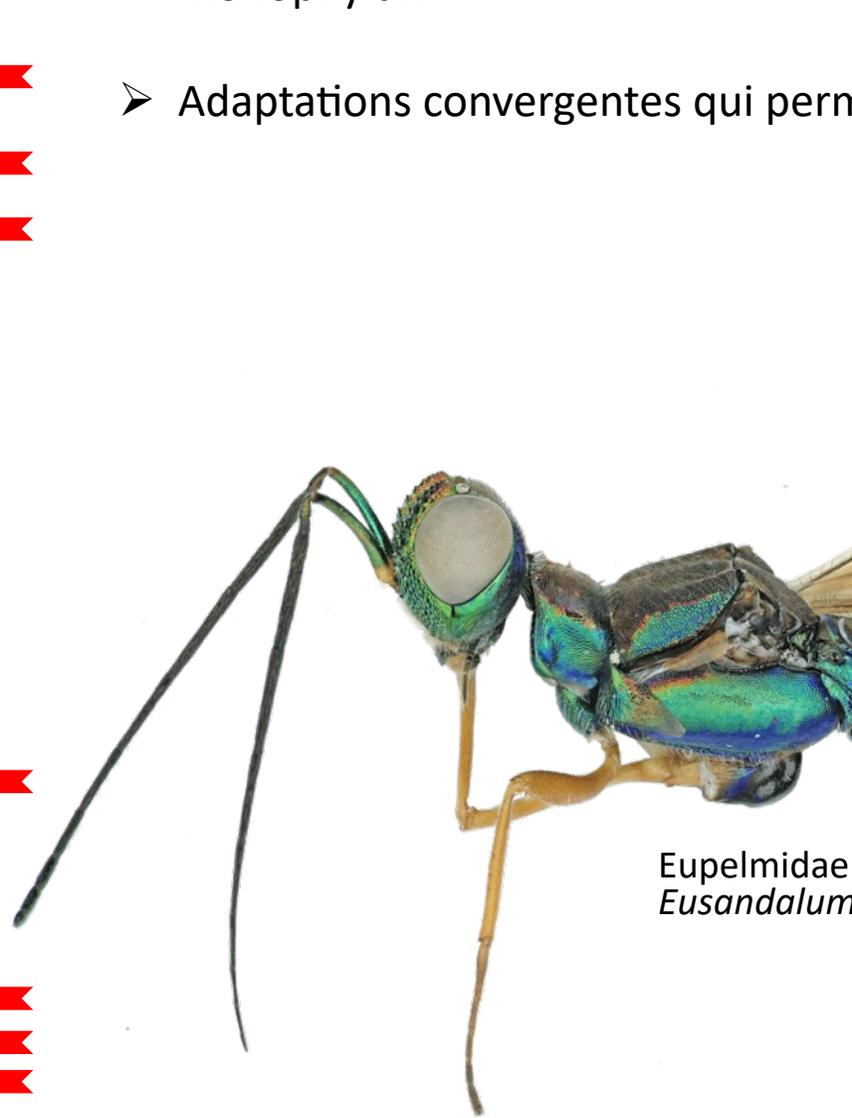
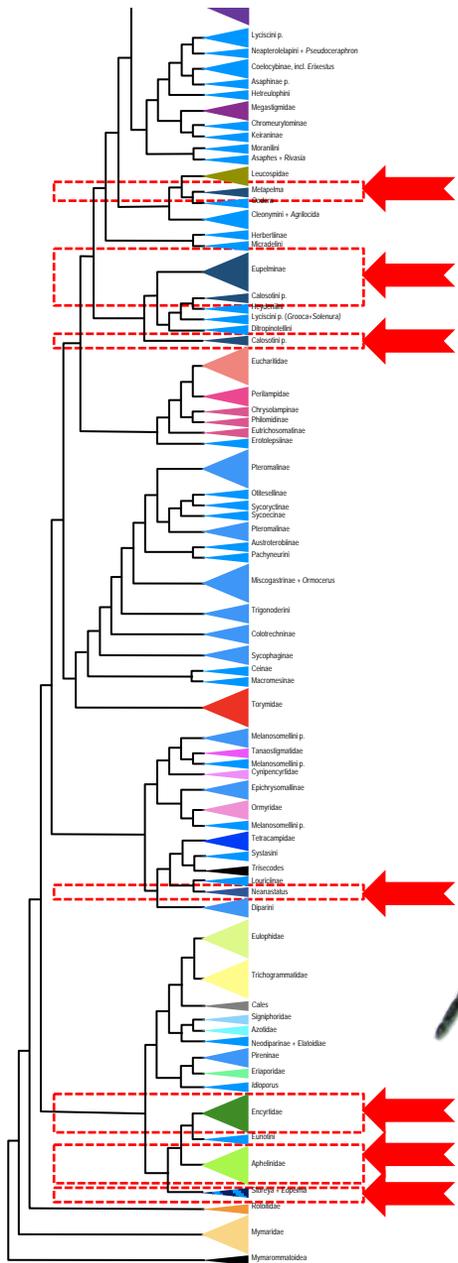
Convergences morphologiques

- 3 familles ont des caractères similaires (ex. acropleuron élargi & pattes sauteuses) : Encyrtidae, Eupelmidae, Tanaostigmatidae

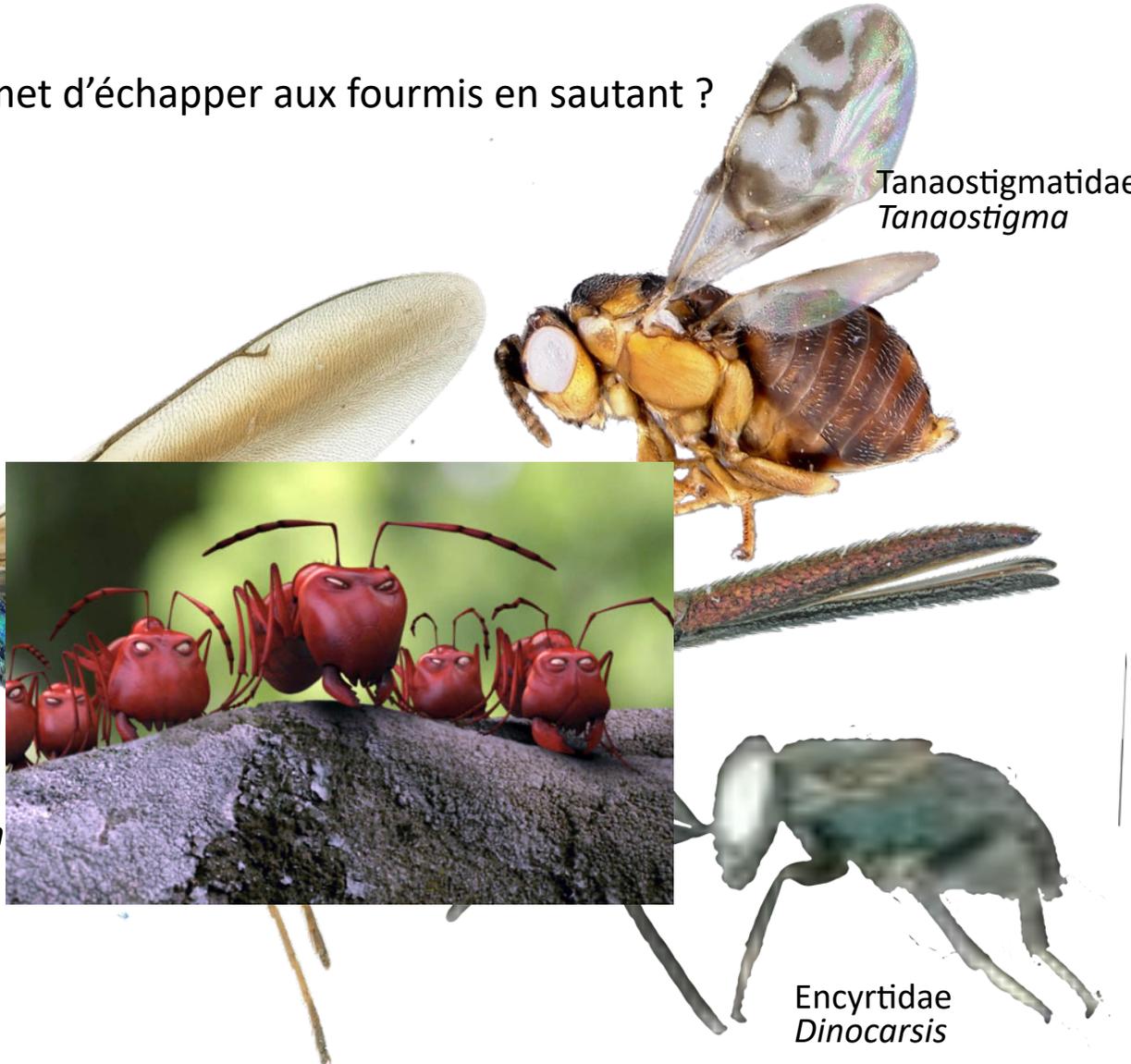


Convergences morphologiques

- Contrairement à ce qui avait été envisagé, ces groupes ne forment pas un monophylum
- Adaptations convergentes qui permet d'échapper aux fourmis en sautant ?



Eupelmidae
Eusandalum



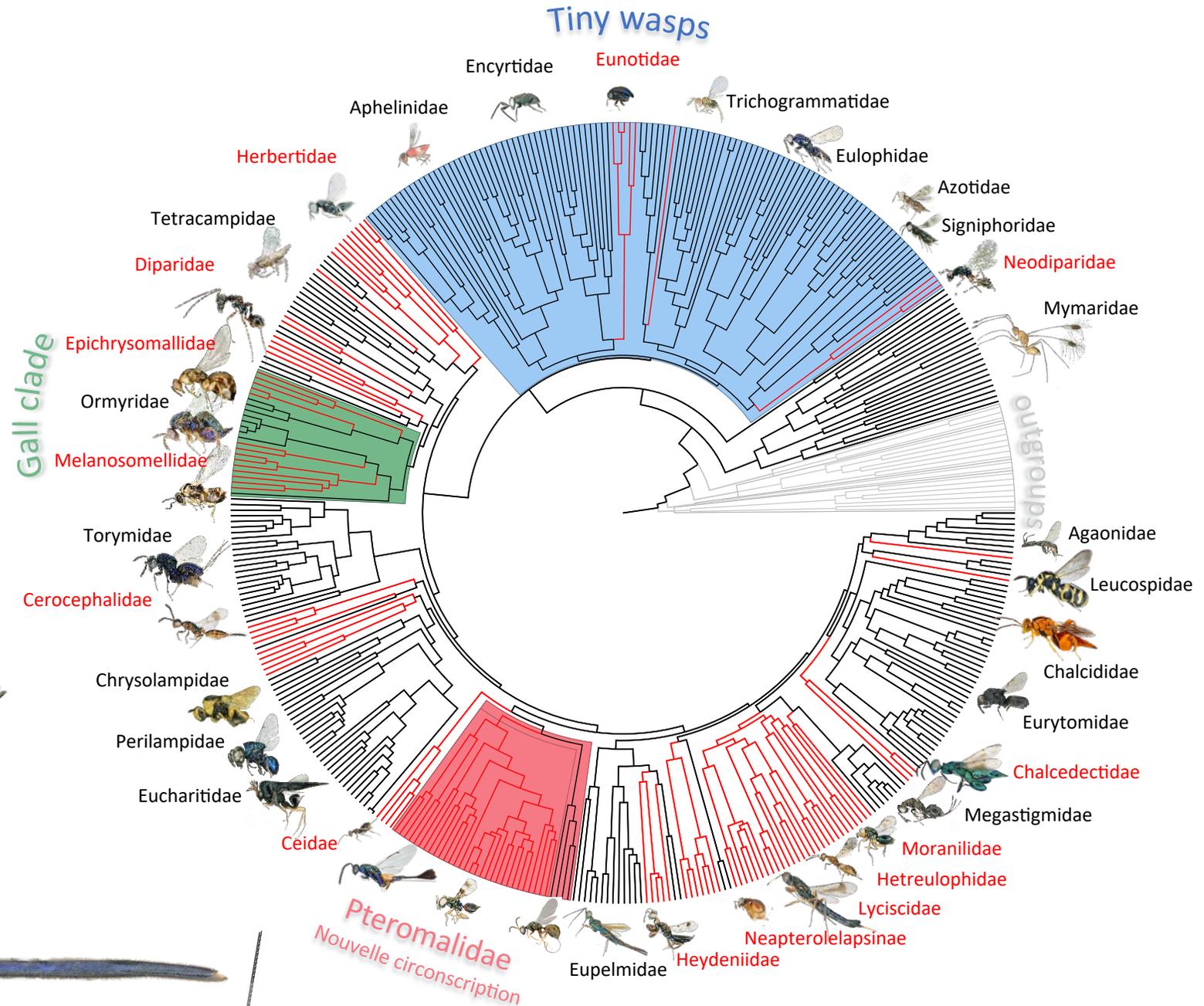
Tanaostigmatidae
Tanaostigma

Encyrtidae
Dinocarsis

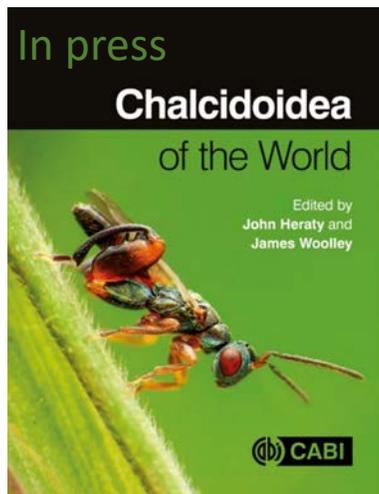
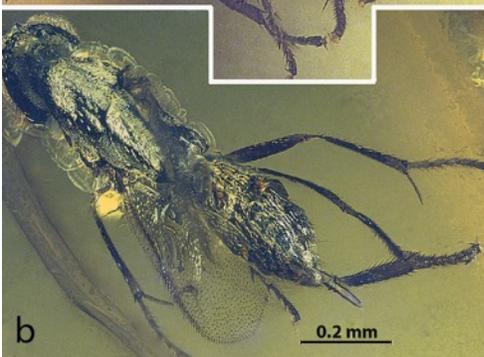
From hell's heart I stab at thee! A determined approach towards a monophyletic Pteromalidae and reclassification of Chalcidoidea (Hymenoptera)

Roger Burks¹, Mircea-Dan Mitroiu², Lucian Fusu², John M. Heraty¹, Petr Janšta^{3,4}, Steve Heydon⁵, Natalie Dale-Skey Papilloud⁶, Ralph S. Peters⁷, Ekaterina V. Tselikh⁸, James B. Woolley⁹, Simon van Noort^{10,11}, Hannes Baur^{12,13}, Astrid Cruaud¹⁴, Christopher Darling^{15,16}, Michael Haas⁴, Paul Hanson¹⁷, Lars Krogmann^{4,18}, Jean-Yves Rasplus¹⁴

- Révision de la classification
- Meilleure définition des familles
- Description de **23 nouvelles familles**



Tempo de diversification



3. FOSSILS OF CHALCIDOIDEA

JEAN-YVES RASPLUS¹, JOHN M. HERATY², ROGER. A. BURKS²,
LARS KROGMANN³, JONAH M. ULMER³, ASTRID CRUAUD¹

1 - CBGP, INRAE, CIRAD, IRD, Montpellier SupAgro, Univ. Montpellier, Montpellier, France

2 - Department of Entomology, University of California, Riverside, CA, USA

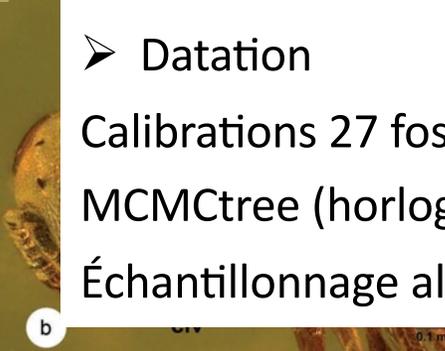
3 - Staatliches Museum für Naturkunde Stuttgart, Rosenstein 1, 70191 Stuttgart, Germany

➤ Datation

Calibrations 27 fossiles (distributions uniformes)

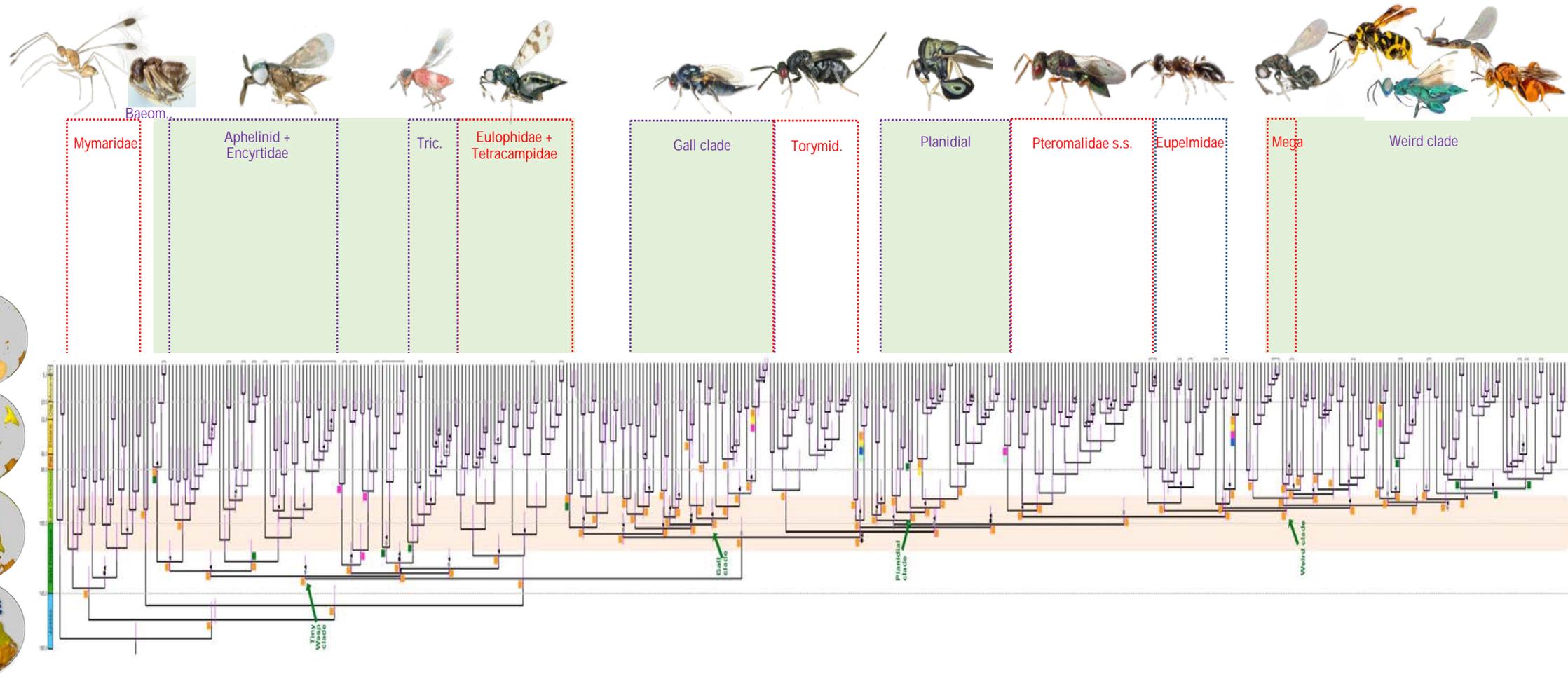
MCMCtree (horloges locales taux indépendants entre branches)

Échantillonnage aléatoire de 2×10^4 nt+aa sites x 5 subsets



Tempo de diversification

- Crown ca 162 Ma [Jurassique sup.]; Coïncide avec l'augmentation des familles d'insectes fossiles
- Second pulse (110 Ma) qui coïncide avec une 2nde augmentation du nb de familles d'insectes fossiles
- Première transition vers la phytophagie (« gall clade »: 102.1–98.2 Ma) ⇔ début “Révolution des Angiospermes”
- Nos résultats semblent crédibles



*De l'échelle supra-familiale à celle des groupes d'espèces :
Complexes d'espèces de chalcidiens*

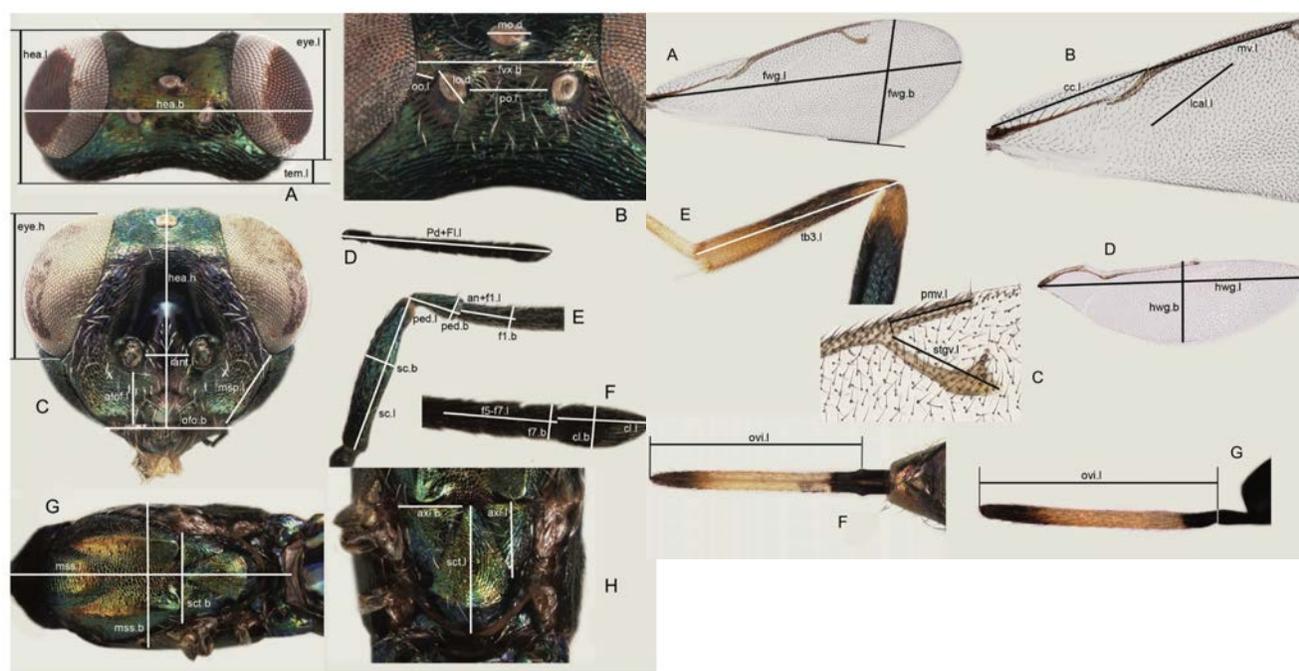
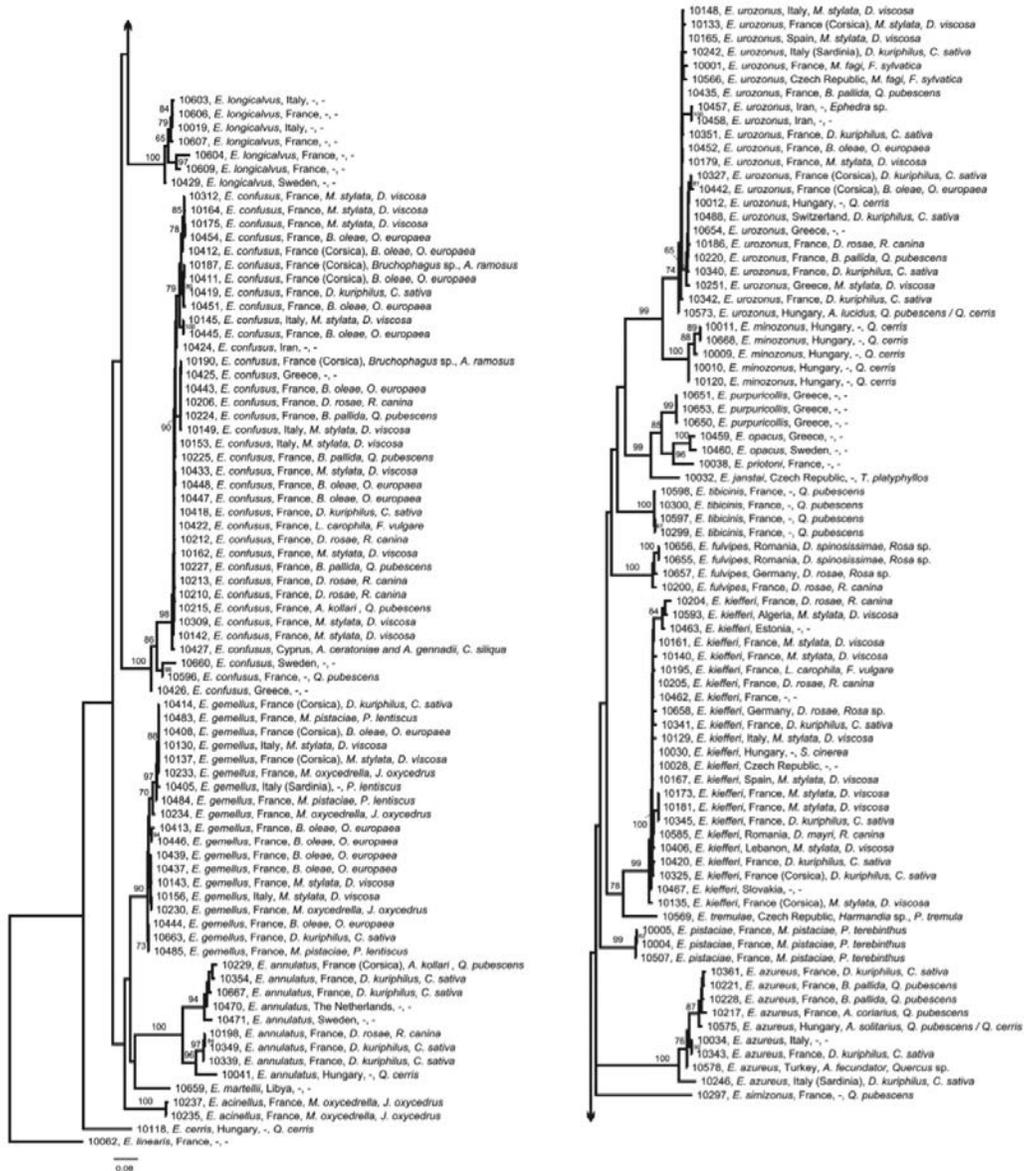


- Chalcidiens difficiles à identifier en général
- Encore plus dans certains groupes (e.g. *Pteromalus*)
- Sous un morphotype donné, une seule espèce ou plusieurs ?
 - ⇔ A-t-on un complexe d'espèces ?
- Sous un morphotype donné, est ce qu'on a vraiment une espèce généraliste (qui s'attaque à plusieurs hôtes) ou plusieurs espèces spécialistes (1 seul hôte chacune) ?
- Réponse importante pour la lutte biologique
 - ⇔ Si on ne lâche pas le bon parasitoïde, pas de contrôle du ravageur ciblé



Pteromalus (ca 500 spp)

Complexe d'espèces « *Eupelmus urozonus* » (*Eupelmidae*)



Systematic Entomology
 An integrative approach to species discrimination in the *Eupelmus urozonus* complex (Hymenoptera, Eupelmidae), with the description of 11 new species from the Western Palaearctic

Fadel Al Khatib^{1,2}, Lucian Fusu⁴, Astrid Craud², Gary Gibson³, Nicolas Borowiec¹, Jean-Yves Rasplus², Nicolas Ris¹ and Gérard Delvare³

BMC Evolutionary Biology (2016) 16:13
 DOI 10.1186/s12862-015-0571-2

RESEARCH ARTICLE Open Access

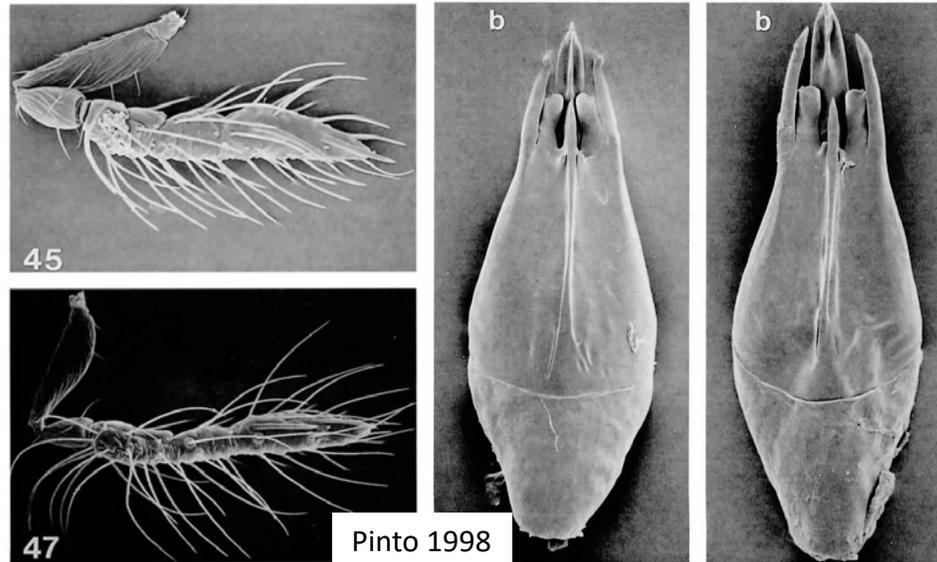
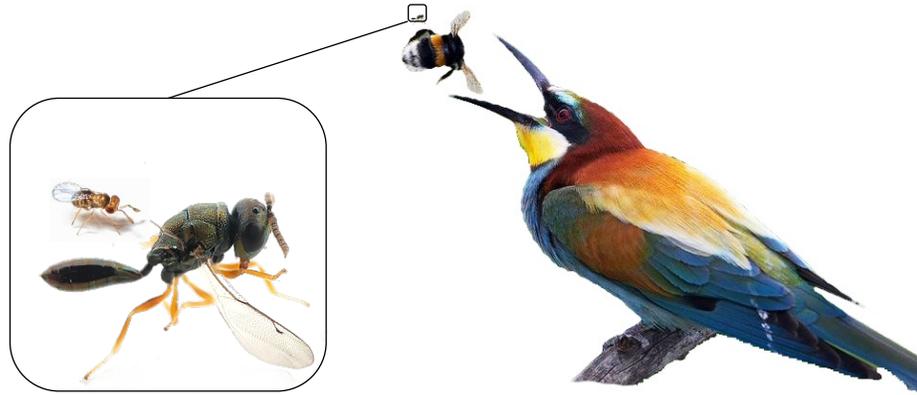
Multilocus phylogeny and ecological differentiation of the “*Eupelmus urozonus* species group” (Hymenoptera, Eupelmidae) in the West-Palaearctic

F. Al Khatib^{1,2*}, A. Craud², L. Fusu⁴, G. Genson², J.-Y. Rasplus², N. Ris¹ and G. Delvare³

- *E. urozonus* est considérée comme l'un des meilleurs agents de contrôle de la mouche de l'olive, *Bactrocera oleae*.
- Fadel Al Khatib (thèse). *Approche intégrative (mol+morpho)*.
- C'est en fait un complexe de 21 espèces dont 11 nouvelles !! plutôt généralistes avec des spectres d'hôte à préciser ...
- Pose question pour le contrôle de *B. oleae*

Complexe d'espèces de *Trichogramma*

- Groupe le plus utilisé pour contrôler les Lépidoptères ravageurs des cultures (e.g. *Spodoptera*, *Ostrinia*)
- Parasitoïdes oophages; Minuscules; Caractères diagnostiques ⇔ antennes & genitalia mâles [Pb : Existence d'espèces thélytoques]



Pinto 1998



Complexe d'espèces de *Trichogramma*

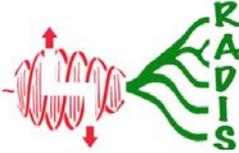
- **BUT** : Caractérisation de souches vendues dans le commerce, collectées sur le terrain en France /Europe et maintenues par le CRB Ep-Coll en cours de montage (INRAE Antibes).
- **Méthode** : RADseq (plusieurs dizaines de milliers de marqueurs en amont/aval des sites de restriction pour meilleure résolution)
PB : Trop peu d'ADN extrait d'un seul individu. Séquençage individuel obligatoire pour éviter les mélanges d'espèces !
SLN : Tester la fiabilité d'une amplification totale de génome (WGA) pré RAD pour augmenter la quantité d'ADN

Une fois la WGA validée, RADseq massif et analyse des données avec le wrapper perl RADIS



Pushing the limits of whole genome amplification: successful sequencing of RADseq library from a single microhymenopteran (Chalcidoidea, *Trichogramma*)

Astrid Cruaud¹, Géraldine Groussier², Guenaëlle Genson¹, Laure Sauné¹, Andrew Polaszek³ and Jean-Yves Rasplus¹



Bioinformatics, 32(19), 2016, 3027–3028
doi: 10.1093/bioinformatics/btw352
Advance Access Publication Date: 16 June 2016
Applications Note

OXFORD

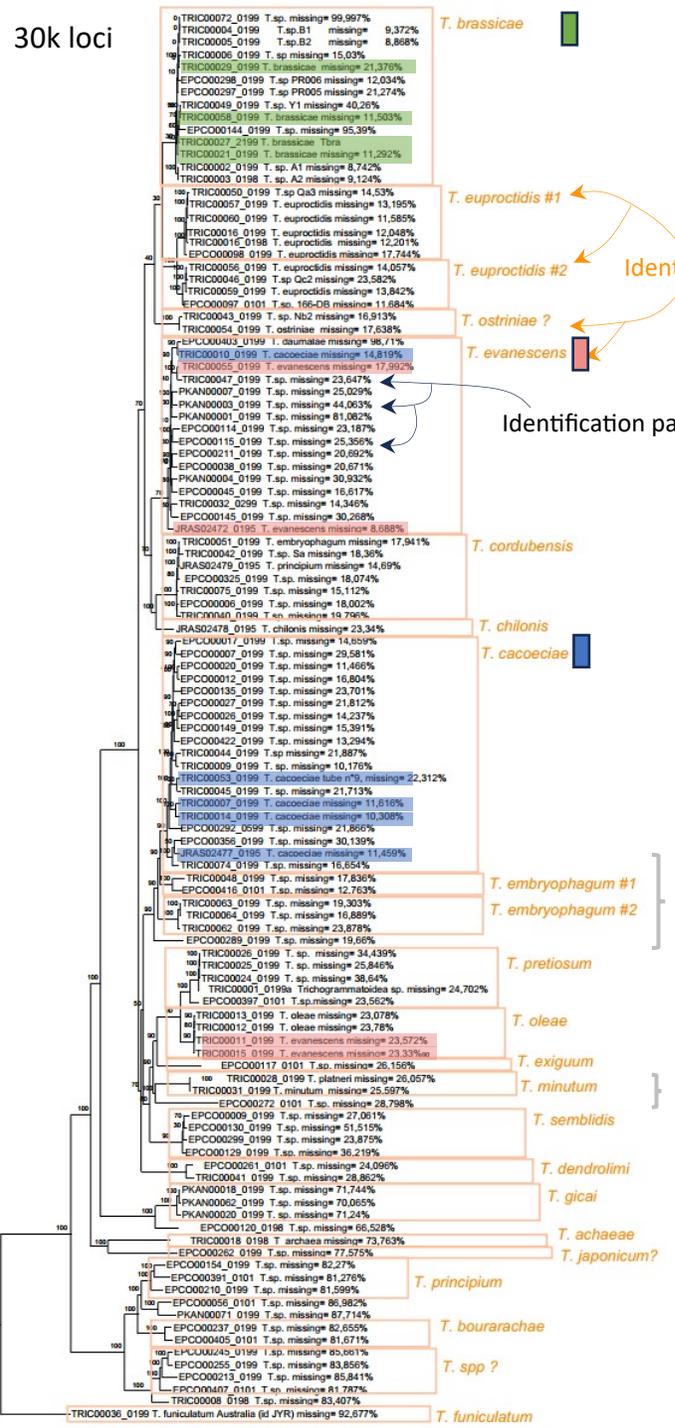
Phylogenetics

***RADIS*: analysis of *RAD*-seq data for interspecific phylogeny**

Astrid Cruaud^{1,*†}, Mathieu Gautier^{1,2,†}, Jean-Pierre Rossi¹, Jean-Yves Rasplus¹ and Jérôme Gouzy^{3,4}



Mathieu,
Jean-Pierre,
Jérôme



Identification morphologique par taxonomiste

Identification par non spécialistes ou commerciale

Exemple d'espèces identifiées par des non spécialistes (les plus communes !) :

- T. cacoeciae*
- T. brassicae*
- T. evanescens*

Certaines espèces sont probablement des complexes
 → Spectre d'hôte à préciser

Les souches vendues dans le commerce sous les noms de *T. platneri* et *T. minutum* sont identiques



Sylvie, Nicolas

Géraldine, Laure

Jean-Yves, Guénaëlle

Précision du fournisseur US « different species of *Trichogramma* are used in [the US]. In orchards and field crops use *T. minutum* in the east and *T. platneri* in the west. »

Pour rappel : on parle d'un des groupes les plus utilisés en lutte biologique ... qq progrès nécessaires !

Quand soudain à l'été 2015 ...



Été 2015. Crise sanitaire liée à *X. fastidiosa* en Corse

Xylella fastidiosa : comment lutte-t-on contre la bactérie tueuse d'oliviers ?

Tout juste apparue en Corse-du-Sud, Xylella fastidiosa a déjà ravagé des milliers d'hectares de cultures en Italie.



Le Monde

BIODIVERSITÉ

« Xylella fastidiosa », la bactérie tueuse d'oliviers, est arrivée en Corse

La bactérie, contre laquelle il n'existe aucun traitement, peut se propager à l'essentiel des plantes présentes en Corse.

Corse Net Infos

Per voi, incù voi in ogni locu - l'info corse en libre accès

Xylella Fastidiosa : « Le danger est dans la maison »



La « bactérie tueuse d'oliviers » repérée dans le sud de l'île

Un olivier attaqué par la bactérie Xylella Fastidiosa vient d'être détecté à Propriano, en Corse du Sud. Un premier cas avait déjà été décelé à Rungis, en avril.



Rechercher sur le site...

Corse: inquiétudes après la découverte d'une bactérie tueuse de végétaux



Montpellier : alerte à la bactérie tueuse Xylella fastidiosa dans les ports et aéroports

Menu



Recherche

Après l'Italie. Une bactérie menace la végétation corse

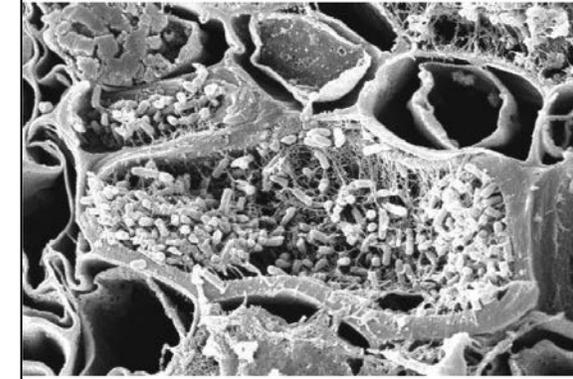
Le Point

Politique International Débats Économie Culture Style Services Événements

La bactérie Xylella fastidiosa menace les vergers du bassin méditerranéen

X. fastidiosa

- Bactérie du xylème vectées par les insectes de type cigales / cicadelles
- Réponse immunitaire (vigne) = expansion du parenchyme qui obstruent les vaisseaux => mort
- 100M USD perte/an (vigne US & *Citrus* Brésil)
- Large spectre de plantes-hôtes (600 spp de plantes, +80 familles)
- Commensale dans beaucoup d'espèces (pas de symptômes)



X.f. within a xylem vessel in the leaf of affected Chardonnay grape. (ca. x 4,000).
Photo by [E. W. Kitajima](#) (ESALQ/USP/Brazil).



Corse



Italie

Été 2015. Crise sanitaire liée à *X. fastidiosa* en Corse



29 juillet 2015 Info +

Stéphane Le Foll annonce des moyens exceptionnels et diligents pour une mission d'expertise en Corse

Archives presse

Partager la page



16 septembre 2015 Publication

Mission d'expertise sur *Xylella fastidiosa* en Corse

xylella

Ministère de l'agriculture
de l'agroalimentaire et de la forêt (DGAL) - Gilbert Chauvel / INRA - Astrid
Cruaud - Jean-Yves Rasplus / ANSES - Bruno Legendre
Jean-François Germain



MINISTÈRE DE L'AGRICULTURE DE LA SOUVERAINÉTÉ ALIMENTAIRE ET DE LA FORÊT
Liberté
Égalité
Fraternité

MISSION D'EXPERTISE SUR
XYLELLA FASTIDIOSA EN CORSE (3 au 11 août 2015)

Rapport définitif (31 août 2015)

Gilbert Chauvel¹, Astrid Cruaud², Bruno Legendre³, Jean-François Germain⁴, Jean-Yves Rasplus²

¹ MAAF, DGAL, SDQPV, 251, rue de Vaugirard 75732 Paris Cedex 15
² INRA, CBGP, 755 avenue du campus Agropolis CS 30016 34988 Montpellier-sur-Lez
³ ANSES, LSV, Unité BVO, Equipe bactériologie, 7, rue Jean Dixméras 49044 Angers Cedex 01
⁴ ANSES, LSV, 755 avenue du campus Agropolis CS 30016 34988 Montpellier-sur-Lez



LIBERTÉ • ÉGALITÉ • FRATERNITÉ
RÉPUBLIQUE FRANÇAISE

MINISTÈRE DE L'AGRICULTURE DE L'AGROALIMENTAIRE ET DE LA FORÊT



ANSES
alimentation, environnement, travail



INRA
SCIENCE & IMPACT

- Recenser les vecteurs de *Xf* (connaissances quasi nulles en Europe – recherches aux US depuis les années 1950)
- Proposer des pistes de recherche sur le pathosystème formé par *Xf* et ses vecteurs

Vecteurs potentiels en Europe (>100 spp)

Aphrophoridae



Aphrophora alni



Philaenus spumarius

Cercopidae



Cercopis larve



Cercopis intermedia

Cicadidae



Lyristes plebejus



Cicada orni

4 familles d'Hémiptères (51 spp France, 119 UE)

Aphrophoridae (15 spp France, 29 spp UE)

Cercopidae (7 spp en France et UE)

Cicadellidae (9 spp en France et UE)

Cicadidae et Tibicinidae (20 spp en France et 74 en UE)



Cicadella viridis

Cicadellidae

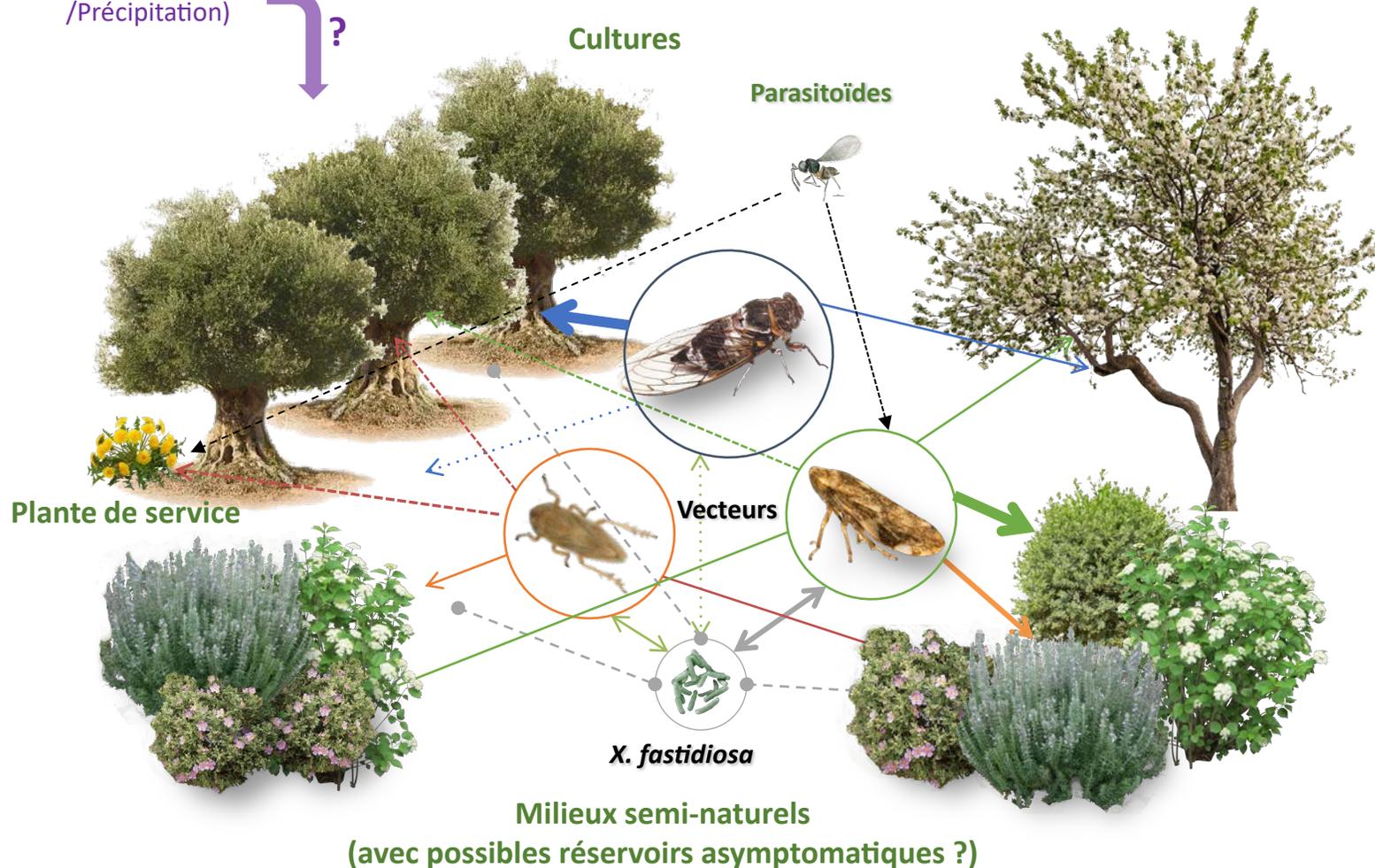
2016-2022/23 – Projets Xf & vecteurs

Climat
(Température
/Précipitation)



Cultures

Parasitoïdes



- Remettre les vecteurs au centre du pathosystème.
- Question : Paramètres **biotiques** & **abiotiques** qui influencent la dynamique des réseaux trophiques entre vecteurs et plante(s) d'alimentation (culture / environnement) pour comprendre comment *Xf* se propage et, si possible, agir sur les acteurs clefs des réseaux pour contrôler cette propagation.
- Corse (puis PACA /Occitanie /Nvlle Aquitaine)

P. spumarius – vecteur principal en Corse



Philaenus spumarius

Très polyphage

Localement très abondant

Partout en Europe

OPEN SCIENTIFIC REPORTS

Using insects to detect, monitor
and predict the distribution of
Xylella fastidiosa: a case study in
Corsica

Received: 4 April 2018

Accepted: 3 October 2018

Published online: 23 October 2018

Astrid Cruaud¹, Anne-Alicia Gonzalez^{1,2}, Martin Godefroid¹, Sabine Nidelet¹,
Jean-Claude Streito¹, Jean-Marc Thuillier¹, Jean-Pierre Rossi¹, Sylvain Santoni² &
Jean-Yves Rasplus¹

P. spumarius – vecteur principal en Corse



Philaenus spumarius
Très polyphage
Localement très abondant
Partout en Europe

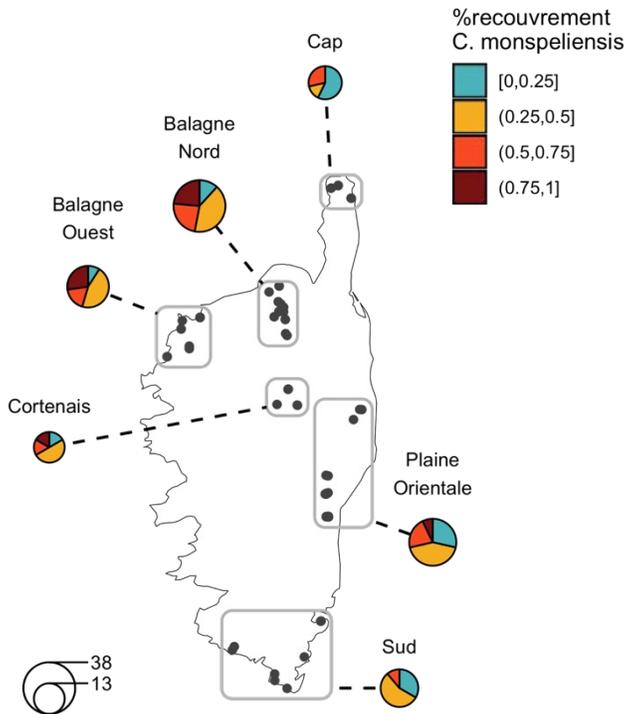
- **Question** : Comment les facteurs climatiques et environnementaux influencent-ils l'abondance de *P. spumarius* en Corse ?
- Focus sur le ciste de Montpellier
 - couvert de crachats de coucou au printemps
 - à faucher pour avoir des *P. spumarius* à coup sûr



1 DISPOSITIF EXPERIMENTAL

64 placettes (**habitats semi-naturels**) avec :

- gradient d'abondance en ciste de Montpellier



2 OBSERVATIONS

Pendant 3 ans, 3 fois par an :

- abondance de *P. spumarius*



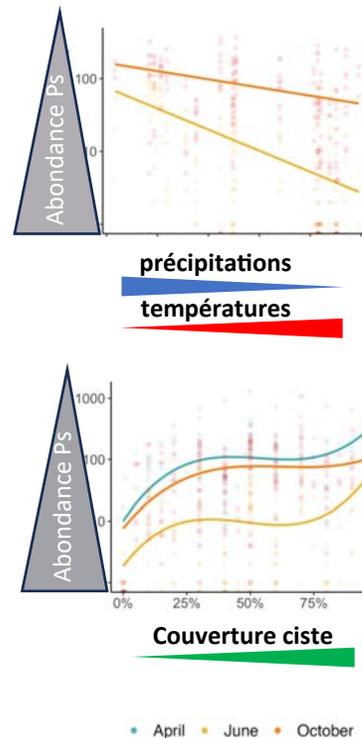
Printemps Ete Automne

Profil climatique des parcelles

- températures
- précipitations

3 ANALYSES (GLMMs)

4 RESULTATS ET CONCLUSIONS



Marguerite

Xavier

Populations d'adultes plus importantes quand plus frais et humide => en accord avec la littérature

Populations augmentent avec la couverture en ciste.

➔ seule région où *P. spumarius* montre une telle préférence.

↔ Etudes régionales pour comprendre le pathosystème

➔ Ciste, très commun

↔ compartiment asymptotique qui a permis la propagation ?

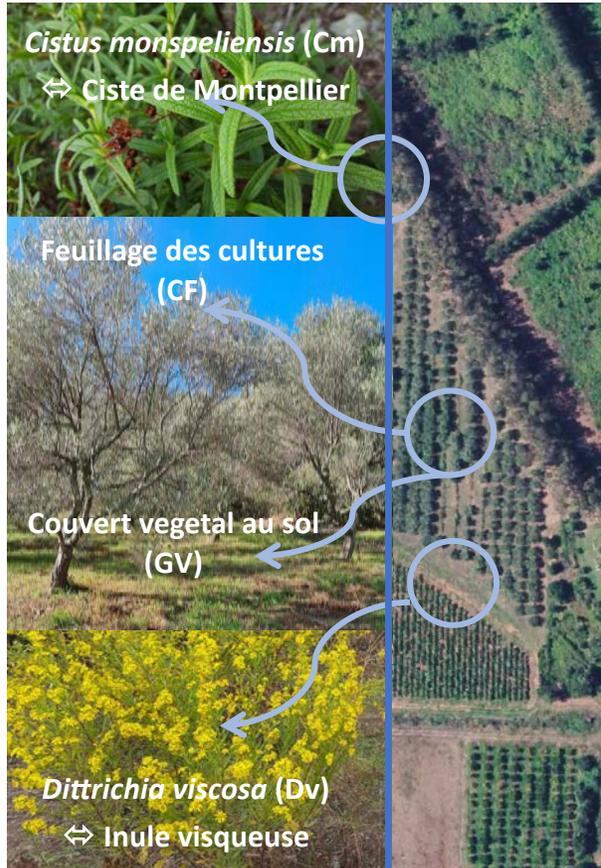
scientific reports

Environmental factors driving the abundance of *Philaenus spumarius* in mesomediterranean habitats of Corsica (France)

Marguerite Chartois^{1,2,3}, Xavier Mesmin^{1,2}, Ileana Quiquerez³, Sabrina Borgomano³, Pauline Farigoule^{1,4}, Eric Pierre¹, Jean-Marc Thuillier¹, Jean-Claude Streito¹, François Casabianca⁵, Laetitia Hugot⁷, Jean-Pierre Rossi^{1,6}, Jean-Yves Rasplus^{1,6} & Astrid Cruaud^{1,6}

Parcelles Citrus /olivier et environnement immédiat

-  *Aphrophora alni* (Aa)
-  *Lepyronia coleoptrata* (Lc)
-  *Neophilaenus campestris* (Nc)
-  *Philaenus spumarius* (Ps)



Contents lists available at ScienceDirect
 Agriculture, Ecosystems and Environment
 ELSEVIER
 journal homepage: www.elsevier.com/locate/agee

Interaction networks between spittlebugs and vegetation types in and around olive and clementine groves of Corsica; implications for the spread of *Xylella fastidiosa*

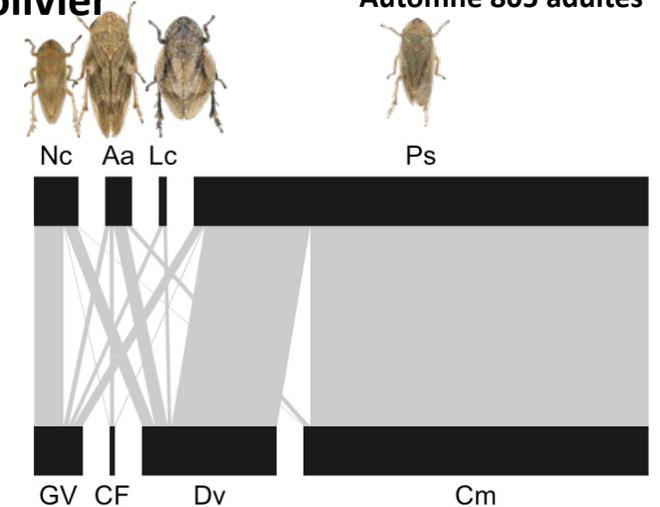
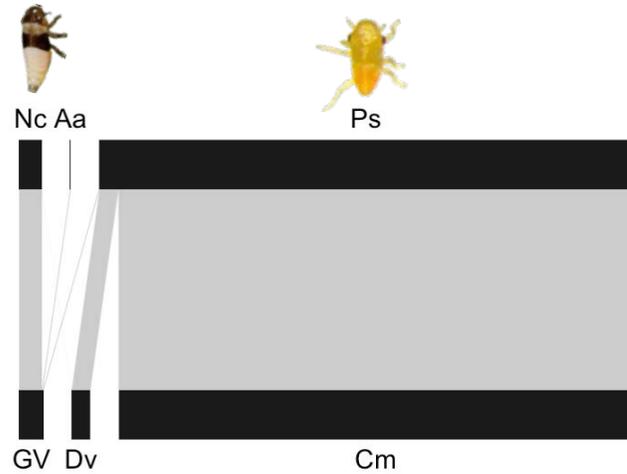
Xavier Mesmin^{a,b,*}, Marguerite Chartois^{a,b}, Sabrina Borgomano^c, Jean-Yves Rasplus^a, Jean-Pierre Rossi^{a,1}, Astrid Cruaud^{a,1}

Réseaux d'interaction « habitats – vecteurs » ? pendant 2 ans 3 fois /an

Printemps 3034 larves

résultats pour l'olivier

Automne 805 adultes

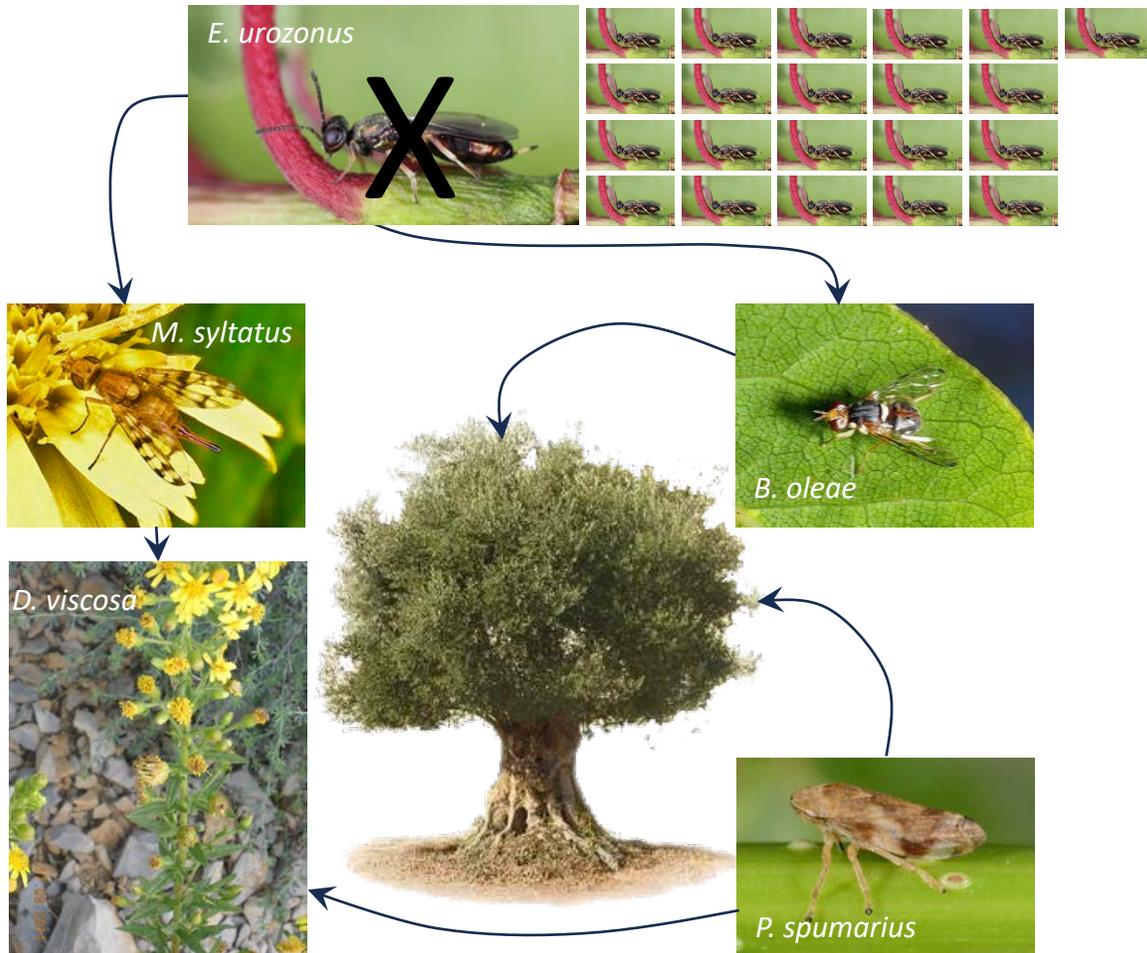


- Connectance faible
- Pas de larves de *Ps* au pied des cultures
- *Ps* - *Cm* interaction dominante
- *Ps* sur *Dv* (inule visqueuse)

- Connectance plus forte
- Peu d'individus sur feuillage
- *Ps* - *Cm* interaction dominante
- *Ps* et autres vecteurs potentiels sur *Dv*

- ➔ Labour au printemps sera moins efficace qu'en Italie sur *Ps*
- ➔ Dynamique de transmission aux cultures probablement différente de l'Italie
- ➔ Etudes sur autres vecteurs potentiels que *Ps* nécessaires
- ➔ Gestion de *Cm* à proximité des cultures à explorer (éloignement ?)
- ➔ Conserver l'inule visqueuse concentre les vecteurs au pied des cultures

Inule visqueuse – une plante de « service » ?



➤ **Hypothèse affirmative** : « l'inule visqueuse est parasitée par *M[yopites] stylat[us]* qui forme des galles sous les inflorescences [...] Cette mouche peut être parasitée en hiver par *E. urozonus*, qui parasitera efficacement *B. oleae* l'été suivant » Warlop 2006.

➤ **Conséquence** : conservation /plantation dans les oliveraies comme plante de service

➤ **Or nos résultats montrent que :**

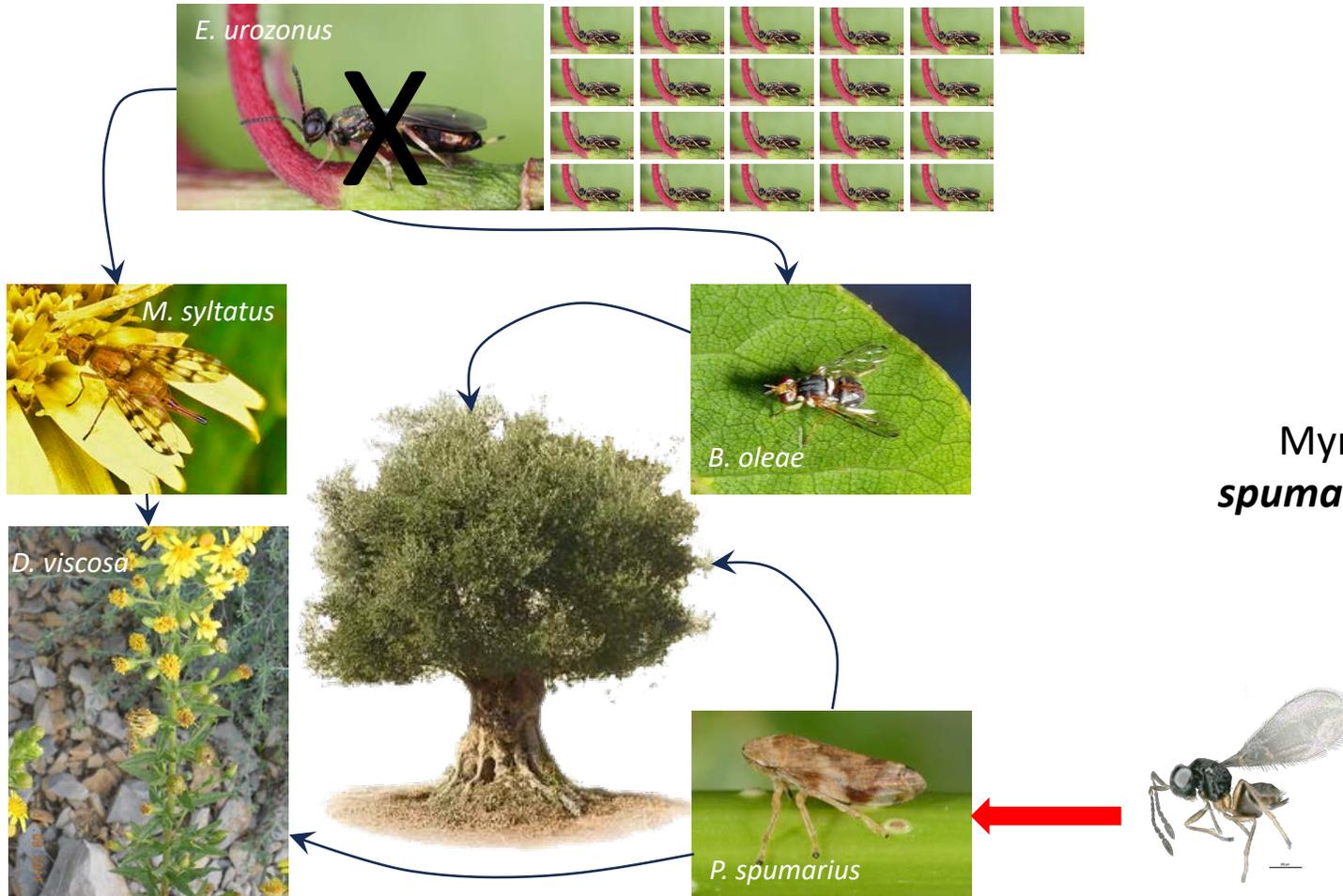
- *E. urozonus* = complexe de 21 espèces plutôt généralistes avec des spectres d'hôte à préciser ...



- L'inule est appétente pour *P. spumarius* et d'autres vecteurs potentiel de *Xf*

➤ Travaux complémentaires pour évaluer les coûts et bénéfices de la conservation de l'inule en présence de *Xf*

Ooctonus vulgatus pour contrôler *P. spumarius* ?



PeerJ *Ooctonus vulgatus* (Hymenoptera, Mymaridae), a potential biocontrol agent to reduce populations of *Philaenus spumarius* (Hemiptera, Aphrophoridae) the main vector of *Xylella fastidiosa* in Europe

Xavier Mesmin^{1,2}, Marguerite Chartois², Guénaëlle Genson², Jean-Pierre Rossi², Astrid Cruaud² and Jean-Yves Rasplus²

Mymaridae (chalcidien), **parasitoïde des œufs de *P. spumarius*** naturellement présent en Corse, avec des taux de parasitisme allant jusqu'à 69 %

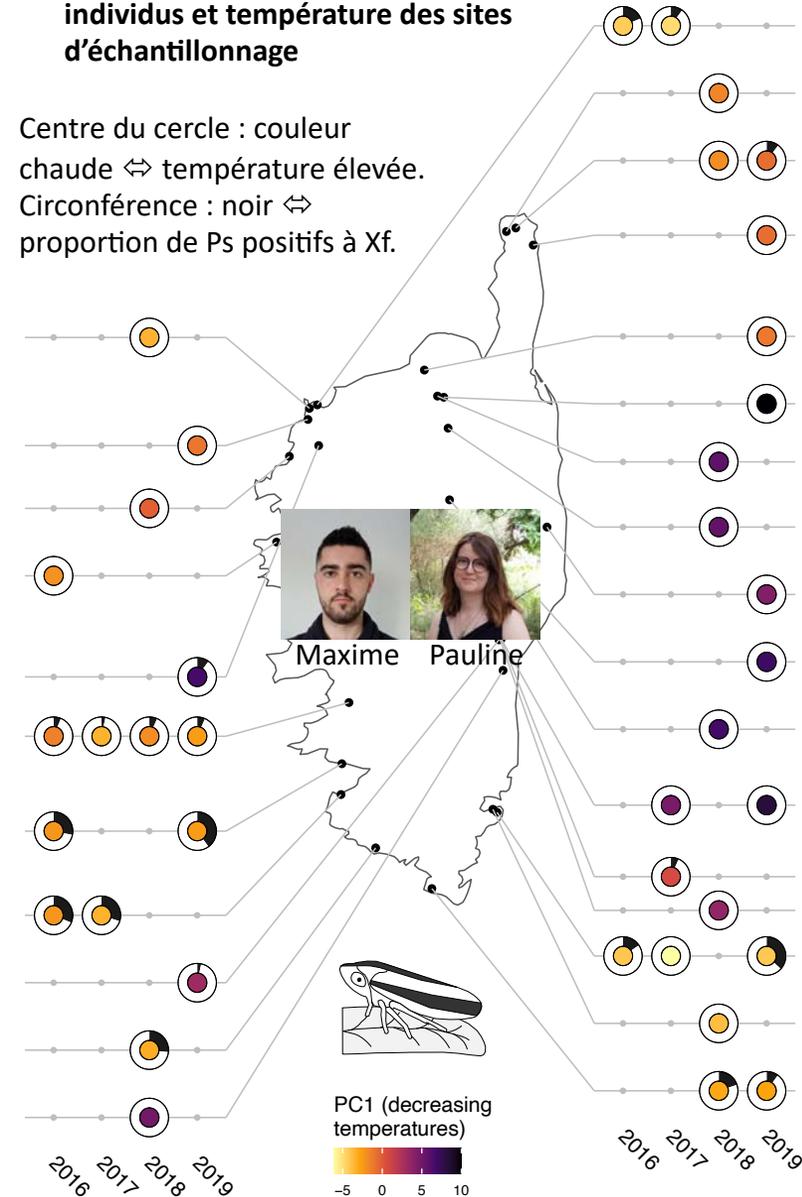
→ Élevage et lâchers ?

→ Comprendre les facteurs qui contrôlent sa présence /abondance pour, si possible, favoriser son action naturelle ?

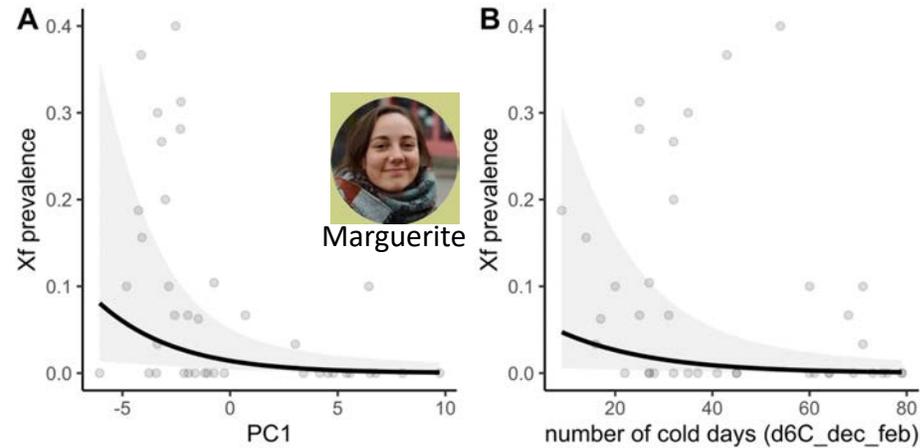
Anticiper ...

1 Résultat du screening de Xf dans les individus et température des sites d'échantillonnage

Centre du cercle : couleur chaude ↔ température élevée.
Circonférence : noir ↔ proportion de Ps positifs à Xf.

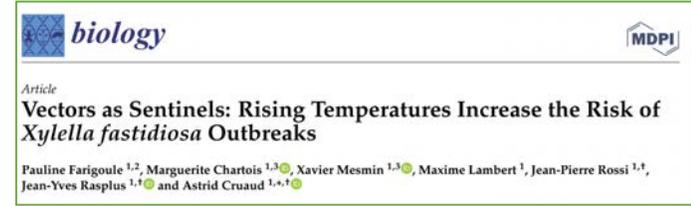


2 Corrélation entre la prévalence de Xf dans les vecteurs et la variables climatiques étudiées et reconstruites



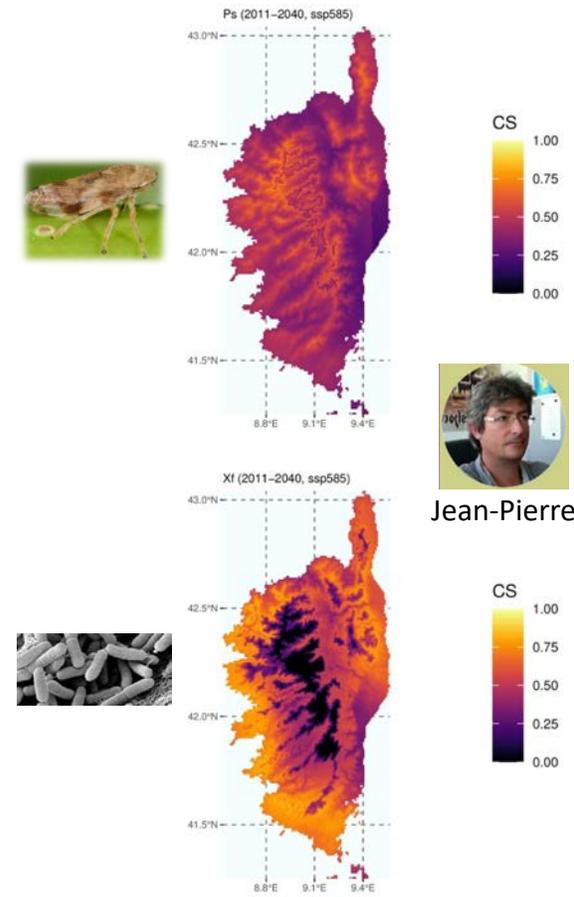
4 CONCLUSIONS

- ➔ Prévalence Xf dans vecteurs corrélée positivement à la température
- ➔ Prévalence plus élevée lorsque les hivers sont plus doux
- ➔ **Le changement climatique augmente le risque épidémique**
- ➔ Xf et son vecteur continueront de rencontrer des conditions climatiques favorables à leur présence dans le futur avec possible migration en altitude



3 SDMs pour Ps et Xf à l'horizon 2040

Jaune = zone climatiquement plus favorable

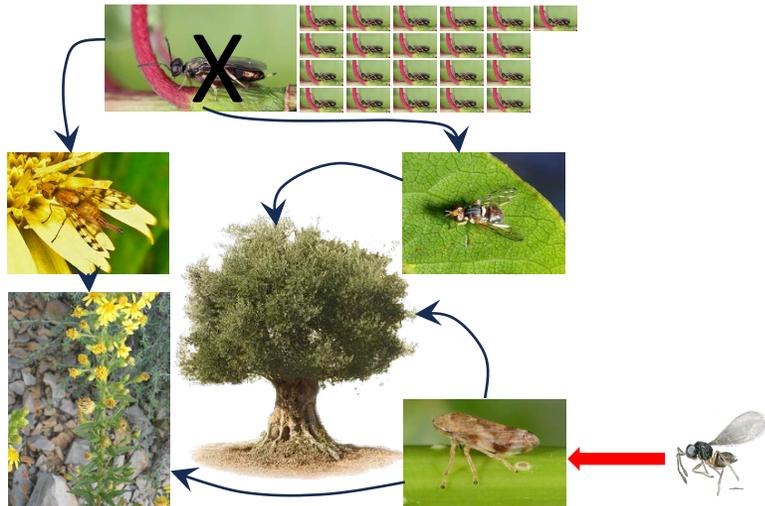


Projet de recherche



Problématique de recherche

- L'exemple du réseau « olivier - mouches – *Eupelmus* - vecteurs de *X. fastidiosa* - parasitoïde » illustre le besoin de **développer des recherches intégrant mieux la systématique** pour une meilleure compréhension du fonctionnement des écosystèmes et une **gestion agroécologique efficace des bioagresseurs**.
- Il fait écho à une récente revue de la littérature qui souligne la **nécessité de renforcer notre compréhension des mécanismes qui sous-tendent les régulations naturelles des ravageurs** pour diminuer l'utilisation des pesticides.
- Pour autant cette revue n'appelle pas à intégrer des études poussées de systématique des ravageurs et auxiliaires des cultures.



INRAE

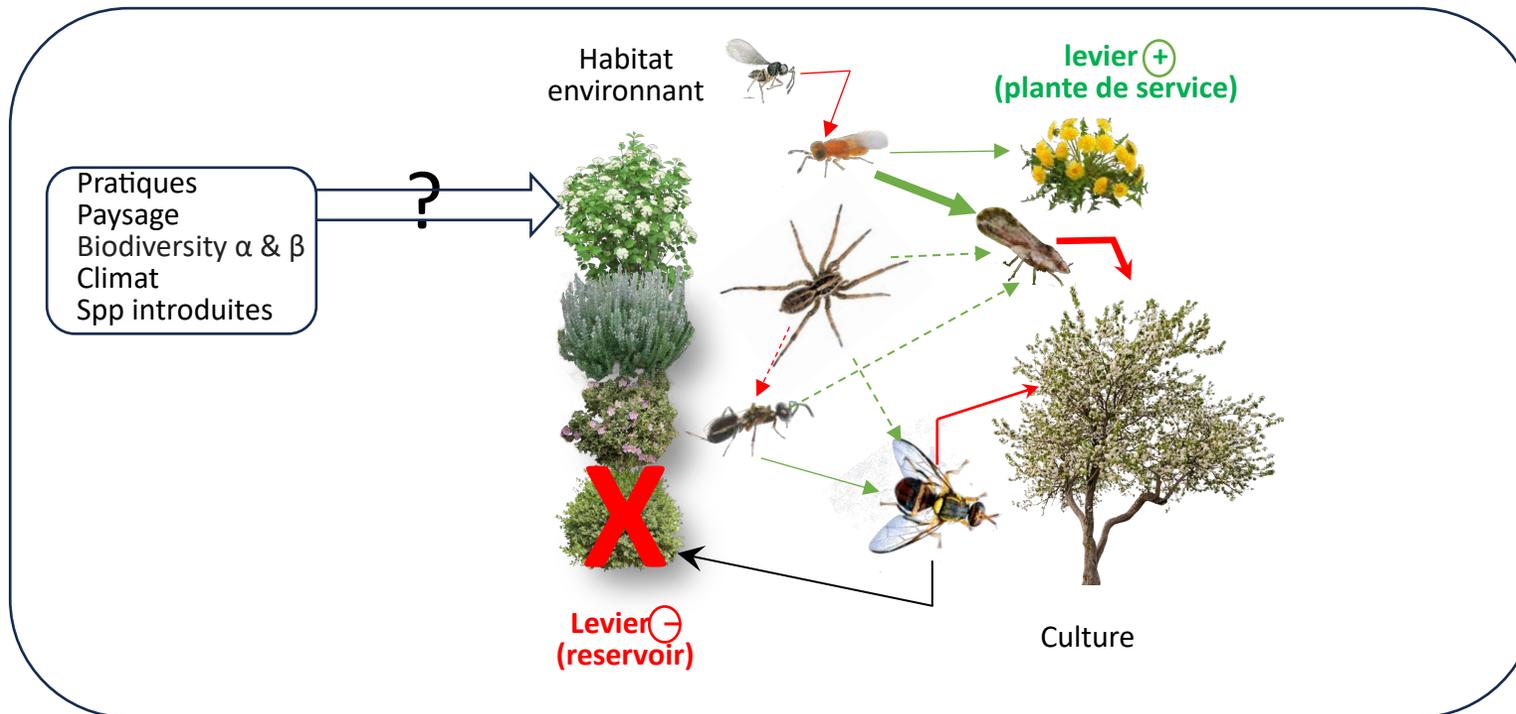
➤ **Protéger les cultures en augmentant la diversité végétale des espaces agricoles**

Synthèse de l'expertise scientifique collective – Décembre 2023

Tibi A. (coord.), Martinet V. (coord.), Vialatte A. (coord.), Alignier A., Angeon V., Bohan D.A., Bougherara D., Cordeau S., Courtois P., Deguine J-P., Enjalbert J., Fabre F., Fréville H., Gateau R., Grimonprez B., Gross N., Hannachi M., Launay M., Lelièvre V., Lemarié S., Martel G., Navarrete M., Plantegenest M., Ravigné V., Rusch A., Suffert F., Thoyer S. (2022). Protéger les cultures en augmentant la diversité végétale des espaces agricoles. Synthèse du rapport d'ESCO. INRAE (France), 86 p. <https://dx.doi.org/10.17180/awsn-rf06>

Problématique de recherche

- Question de recherche : **Comment les facteurs biotiques et abiotiques - qu'ils soient phylogénétiques, environnementaux, liés aux pratiques agricoles ou à l'introduction d'espèces exotiques - influencent-ils la structure et la dynamique des réseaux d'interaction entre plantes (cultivées ou non), insectes ravageurs (indigènes ou introduits) et leurs ennemis naturels (arthropodes prédateurs ou parasitoïdes) ?**
- Question classique ; éclairage nouveau. Pousser le curseur de la systématique et nouveaux outils (IA, biologie moléculaire). Multiples cultures et régions ; concerne beaucoup de chalcidiens.



Axe de recherche #01

Améliorer nos connaissances sur les complexes de ravageurs et d'auxiliaires pour ancrer les études d'écologie des communautés sur des bases taxonomiques solides.

Constat --- Espèces de parasitoïdes mal caractérisées. Complexes fréquents chez les ravageurs.

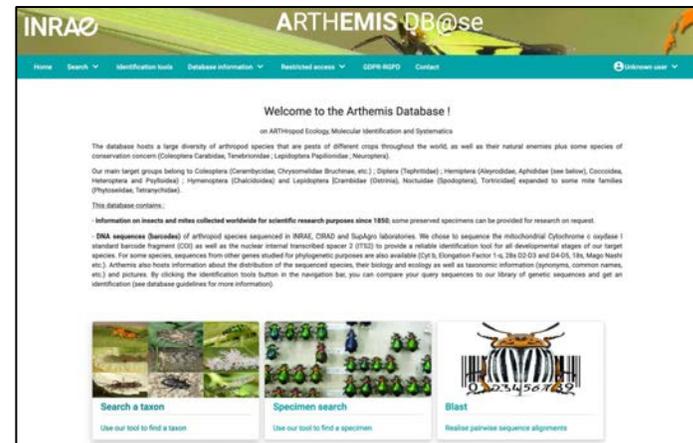
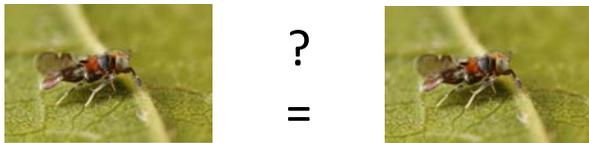
➔ Questions simples irrésolues

➔ Le parasitoïde qui exploite des hôtes sur les plantes du milieu environnant et celui qui les exploite dans la culture appartiennent-ils à la même espèce ? Les changements d'hôtes sont-ils possibles ? Dès lors, le levier « habitat environnant » est-il pertinent ? Ne va – t-il pas engendrer un risque supplémentaire ?

Proposition de recherche --- Systématique intégrative sur les parasitoïdes et les ravageurs.

➔ A minima livrer une BDD de barcodes validés taxonomiquement pour l'identification des Hyménoptères parasitoïdes en Europe (Chalcidoidea et Ichneumonidea)

➔ Implémenter et faire évoluer la BDD [Arthemis](#) (mise en place lors Postdoc#01)



Axe de recherche #02

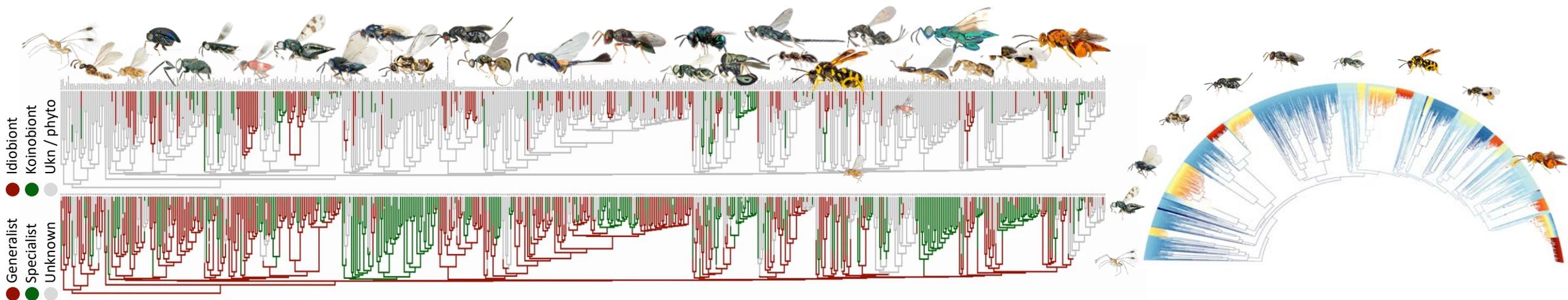
Proposer des hypothèses phylogénétiques pour les groupes de parasitoïdes afin d'éclairer notre compréhension des mécanismes d'assemblage des communautés.

Constat --- 1) Hypothèses phylogénétiques robustes et représentatives pour les parasitoïdes rares. 2) Difficulté à compiler manuellement les informations biologiques disponibles. 3) Absence de données biologiques.

➔ Peut-on utiliser le signal phylogénétique pour prédire les interactions écologiques, anticiper quels auxiliaires indigènes pourraient contrôler un ravageur introduit ou prédire les effets non intentionnels d'un auxiliaire introduit (↔ relâché) sur la base de son spectre d'hôte dans son aire d'origine ?

Proposition de recherche --- Continuer à produire des phylogénies représentatives et robustes. Collaboration « text mining » C. Nédellec et R. Bossy (INRAE MaIAGE).

➔ Tester des hypothèses de conservatisme de niche, analyses de dynamiques d'évolution (corrélée) de traits de vie. Prédire les traits manquants.



Axe de recherche #03

Caractériser massivement les communautés de ravageurs, d'auxiliaires et leurs interactions pour obtenir des données fiables sur la biodiversité fonctionnelle.

Constat --- Limites du métabarcoding utilisé en écologie : faible complétion des BDD de référence ; dénombrement des individus et caractérisation des interactions entre espèces impossibles, etc.

Proposition de recherche --- BDD (cf axe 01).

1) Revisiter acquisition barcodes par séquençage individuel ONT (réduction coûts & temps).

➔ Quantification du nombre de spécimens de chaque espèce dans des collectes /piégeages + documentation des interactions (alimentation axe #02)

2) Reconnaissance d'images assistée par IA pour caractérisation (Start-up [BionomeeX](#)).

➔ Quelle approche hybride entre identification d'images et barcoding massif pour une meilleure caractérisation des communautés?

➔ Peut-on contraindre l'espace des classes prédites par les CNNs aux espèces et nombres d'individus identifiés par barcoding et considérer les classes non prédites comme restantes à apprendre ?



Axe de recherche #04

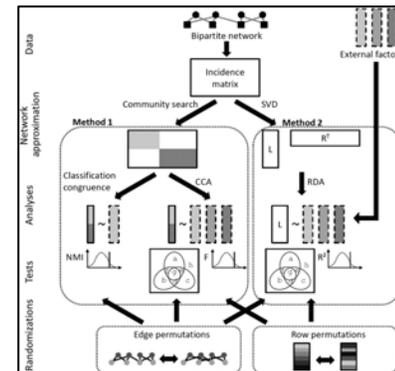
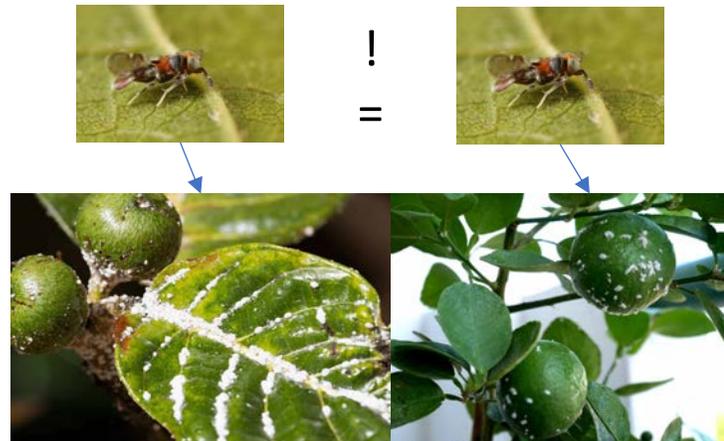
Reconstruire les réseaux d'interaction, comprendre l'impact des facteurs biotiques et abiotiques sur leur architecture et relier la structure des réseaux à l'efficacité de régulation

Constat --- Réseaux d'interaction en utilisant les méthodes disponibles. Pas de prise en compte des liens manquants. Pas de test de corrélation entre métriques réseaux et autres variables.

- ➔ Quel niveau d'interconnexion entre les réseaux au sein de la culture et entre la culture et l'habitat environnant est requis pour réguler efficacement les ravageurs (connexion vs autonomie) ?
- ➔ Par exemple, la présence dans l'environnement d'hôtes alternatifs des parasitoïdes d'un ravageur cible augmente-t-elle ou diminue-t-elle le contrôle de ce dernier ?

Proposition de recherche --- limite de compétences => recherche collaborative et formation.

F. Massol (CNRS) et S. Robin (Sorbonne Univ). Documenter réseaux = axe03 + Utiliser les traits /interaction de littérature, ou inférées sur les phylogénies (axe02) pour prédire les interactions manquantes. S'appuyer sur cadre statistique établi pour relier métrique des réseaux et facteurs environnementaux.



Journal of Animal Ecology 

Research Article |  Free Access

A methodological framework to analyse determinants of host-microbiota networks, with an application to the relationships between *Daphnia magna*'s gut microbiota and bacterioplankton

François Massol  Emilie Macke, Martijn Callens, Ellen Decaestecker

Stratégie de mise en œuvre du projet





Diversité spécifique ET fonctionnelle des ravageurs
majeurs et parasitoïdes de la culture
ET de son environnement

1



Reconnaissance par IA
"real-time" metabarcoding

3



Proxy de régulation
Taux de parasitisme / dégâts
Élevage/métabarcoding

2



Variables environnementales/pratiques
Climat, naturalité environnement, intrants, etc.

Observations terrain

Biologique

Conventionnel

4

1+2+3 + IA =>

"REGUL-SCORE"
A B C D E



Score de régulation naturelle
et leviers pour l'améliorer



Sur un réseau de parcelles
Citrus/Olea
en Corse et sur le continent
[agriculteurs/trices partenaires]



Samuel,
Arnaud

- Séminaire INRAE SPE (Santé des Plantes et de l'Environnement), discussions CDA & référent numérique.
- « Agroécologie et Numérique : données, agroéquipements et ressources génétiques au service de la transition agroécologique et de l'adaptation aux aléas climatiques inclus dans la stratégie d'accélération SADEA (Systèmes Agricoles Durables et Equipements Agricoles contribuant à la transition écologique) de France 2030 »
- Pas de projet sur ravageurs / vecteurs / régulations naturelles
- Extension de NGS-OLICIT ? Mettre la problématique réseaux au cœur d'un projet ?

Agglomération et Hybridation !! des compétences issues des communautés de

modélisation spatiale

informatique

traitement du langage naturel

représentation des connaissances

intelligence artificielle

mathématiques

télédétection

statistiques

entomologie

écologie

agronomie

Sciences économiques & sociales

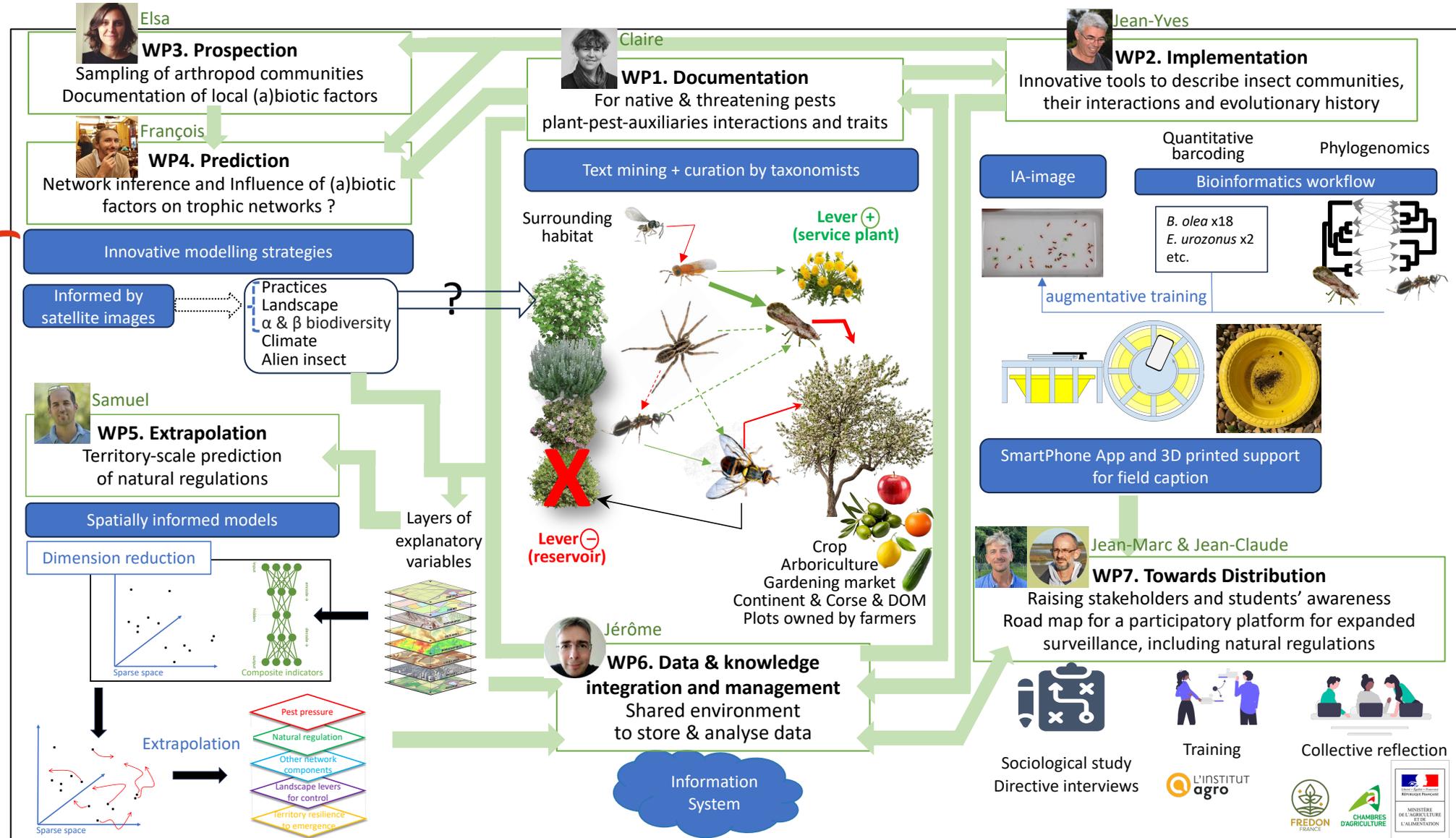
La problématique intéresse 😊

Identification des questions et fronts de science qu'il /elle pourrait adresser dans sa discipline et, grâce à nos discussions collectives objectifs qui dépassent les propositions initiales 😊😊

ECologie des Communautés et Outils Numériques pour augmenTer la RégulatiOn naturelle des insectes ravageurs en agricuLture



5 ans (2025-2030)
 14 équipes de recherche
 50 permanent-e-s
 6 étudiant-e-s en thèse
 3 post-doctorant-e-s
 3M€ - 20% SDAR



Merci...

