



**Mardi 30 janvier 2024, 09:30**

Grande salle + direct sur  YouTube

## **SOUTENANCE DE THÈSE**

**INFORMER SUR L'ORIGINE GÉOGRAPHIQUE ET LE STATUT SPÉCIFIQUE D'UN RAVAGEUR  
INVASIF ET CRYPTIQUE : VALIDATION D'UNE MÉTHODOLOGIE HAUT-DÉBIT POUR LE  
SUIVI DE LA MOUCHE ORIENTALE DES FRUITS, *BACTROCERA DORSALIS***

par

**Émeline Charbonnel, Thèse, CBGP**

- La mouche orientale des fruits, *Bactrocera dorsalis* (Diptera, Tephritidae), originaire des régions tropicales et subtropicales d'Asie, a envahi la majeure partie de l'Afrique et des îles de l'Océan Indien, et menace les États-Unis, l'Australie et l'Union européenne, où elle est classée comme organisme de quarantaine prioritaire. Les lacunes dans l'identification des origines géographiques des incursions retardent les mesures de gestion et appellent des études de génomique des populations. Cependant, leur potentiel est limité par de possibles confusions taxonomiques car *B. dorsalis* appartient à un complexe d'espèces dans lequel la délimitation des taxons n'est pas toujours claire, confusion peut-être favorisée par les cas d'hybridation observés. De plus, l'attraction au Méthyl-Eugénol, leurre chimique mâle utilisé dans le piégeage, n'est pas sélective et pourrait entraîner la capture simultanée de plusieurs espèces.
- Dans ce contexte, nous avons tout d'abord optimisé un protocole de séquençage RAD afin de le rendre plus économique, reproductible et robuste pour les ADN de faible qualité. Nous avons ensuite proposé une méthodologie combinant expertise morphologique et barcodes mitochondrial et nucléaires, afin d'identifier *B. dorsalis* en toute confiance. Ces protocoles ont été appliqués à 150 génomes appartenant à *B. dorsalis* ou à l'une des espèces étroitement apparentées. En utilisant des approches de génétique des populations, ces données ont, d'une part, révélé une délimitation claire de toutes les espèces étudiées, sans preuve d'introggression nucléaire, et d'autre part, informé sur la structuration génétique mondiale et régionale de *B. dorsalis*, y compris dans les aires envahies. L'analyse de ces ressources génomiques nous a permis de développer un panel de sondes nucléiques pour des expériences de capture par hybridation et le séquençage d'environ 20 000 cibles génomiques.
- Le génotypage de 68 populations à travers le monde nous a permis de définir plus précisément la structure génétique globale de *B. dorsalis*, et de déterminer l'origine géographique des incursions européennes. Nous avons en effet pu mettre en évidence l'existence de 11 groupes génétiquement différenciés, chacun avec une cohérence géographique, c'est-à-dire correspondant à une région (l'Asie continentale, l'Afrique de l'Ouest et l'Afrique du Sud-Est), un pays (Oman, Malaisie, Indonésie, Philippines, Ethiopie) ou des îles (Madagascar-Mayotte, La Réunion et la Polynésie Française). Enfin, des analyses d'assignation des incursions de *B. dorsalis* à ces groupes ont révélé des origines multiples à l'échelle européenne. Alors qu'en Italie toutes les incursions proviennent d'Asie continentale, en France les incursions proviennent principalement d'Afrique de l'Ouest, mais aussi d'Asie continentale et de La Réunion. Nous avons également mis en évidence des événements de reproduction sur le territoire européen, ce qui suggère que *B. dorsalis* pourrait être dans la phase d'établissement du processus d'invasion en Europe.