

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*

Charbonnel Emeline

Jury de thèse :

Marie-Anne AUGER-ROZENBERG, Directrice de recherche, INRAE

Olivier PLANTARD, Directeur de recherche, INRAE

Claire GARROS, Directrice de recherche, CIRAD

Massimiliano VIRGILIO, Chargé de recherche, Musée royal de l'Afrique centrale

Pierre-Alexandre GAGNAIRE, Directeur de recherche, CNRS

Thierry LEFRANCOIS, Directeur de recherche, CIRAD

Marie-Pierre CHAPUIS, Chargée de recherche, CIRAD

David OUVRARD, Chargé de projet recherche, ANSES

Rapportrice

Rapporteur

Examinatrice

Examineur

Examineur

Directeur de thèse

Invitée/Encadrante

Invité/Encadrant

**Informersur 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***

Charbonnel Emeline

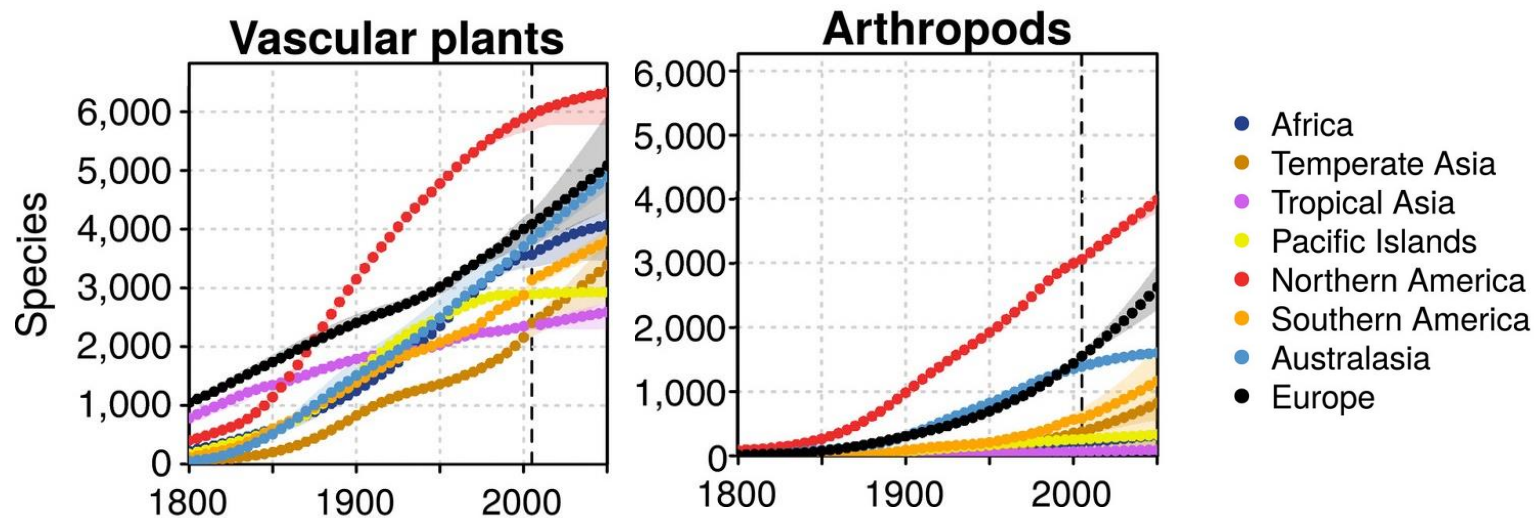


Sous la direction de Thierry LEFRANCOIS (CIRAD), Carine BROUAT (IRD)

Sous l'encadrement de Marie-Pierre CHAPUIS (CIRAD) et David OUVRARD (ANSES)

Les invasions biologiques

Augmentation sans précédent du nombre d'invasions biologiques
De très nombreux taxons et toutes les régions du monde concernées



Prévisions de l'évolution du nombre d'espèces exotiques sur différents continents pour divers groupes taxonomiques jusqu'en 2050
(Seebens et al. 2021)

Les invasions biologiques

Causes

Mondialisation

- ↗ Flux commerciaux
- ↗ Mobilité humaine
- ↗ Anthropisation des milieux

Réchauffement climatique

- ↗ Connectivité entre les régions

Scolytes



Larves de Drosophile



Les invasions biologiques

Causes

Mondialisation

- ↗ Flux commerciaux
- ↗ Mobilité humaine
- ↗ Anthropisation des milieux

Réchauffement climatique

↗ Connectivité entre les régions

Conséquences

Ecologiques

Menace pour la diversité locale
Altération des relations
trophiques

Sanitaires

Famines

Ecosystémiques

Pertes agricoles

Economiques

- ↘ Commercialisation de la ressource
- ↗ Gestion du ravageur

Scolytes



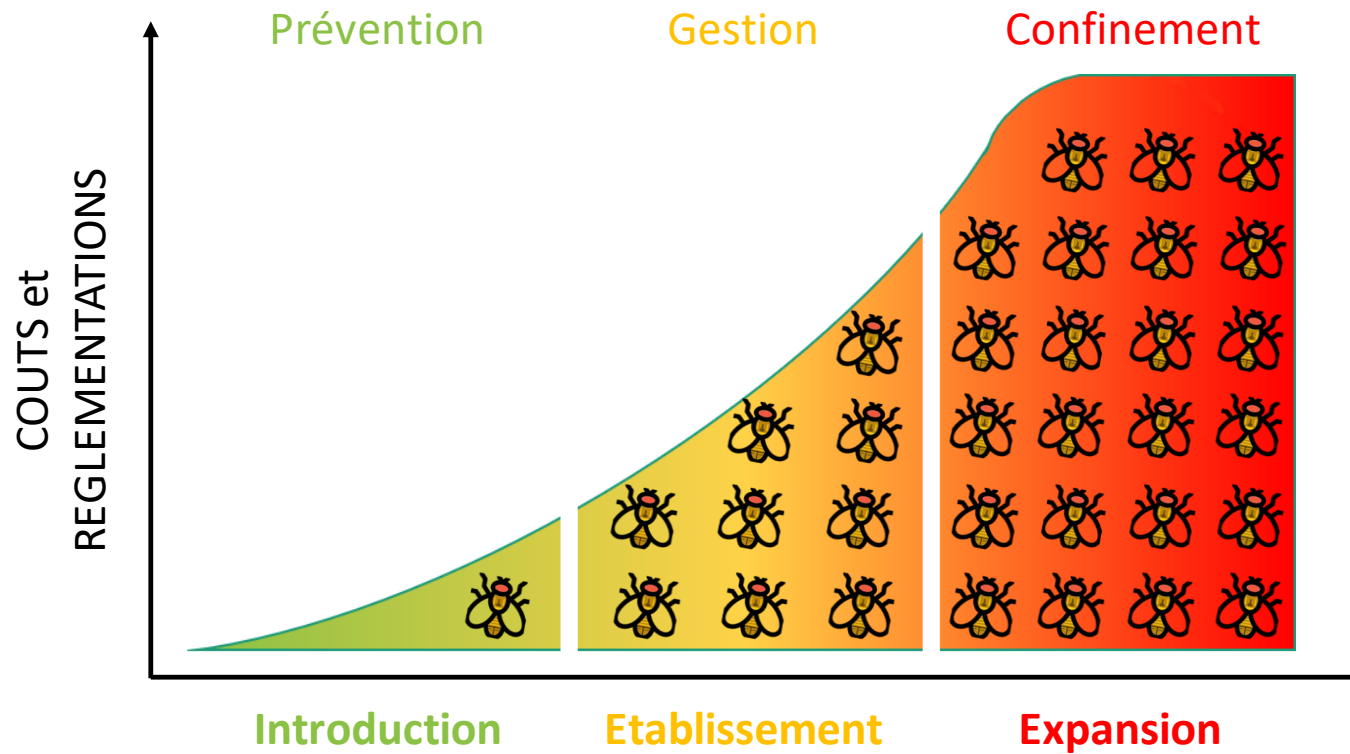
Larves de Drosophile



Les invasions biologiques

Mise en place de **réglementations** par les autorités

- ↘ le risque d'invasion biologique
- ↘ les coûts associés

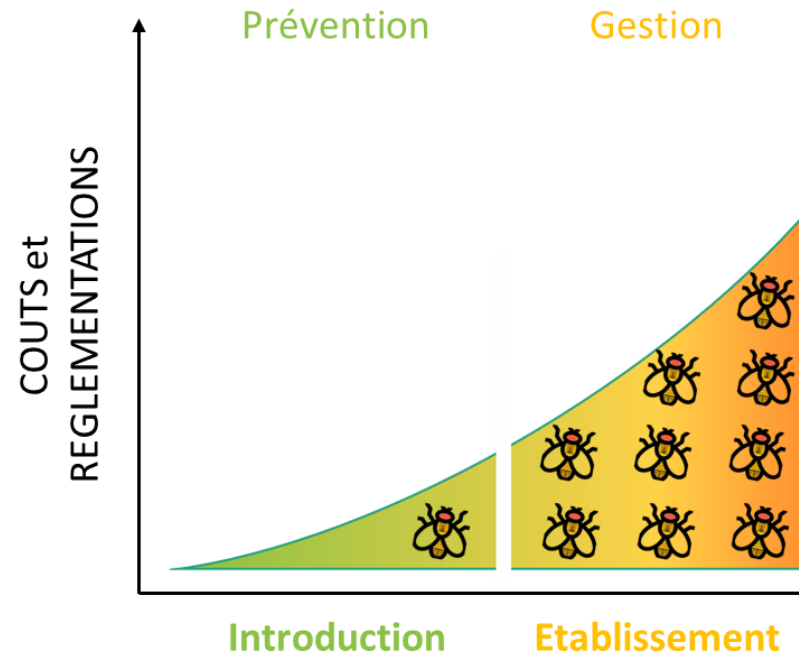


Evolution des impacts et coûts économiques au cours d'une invasion biologique
(adapté de F. Courchamp, 2021)

Prévention des invasions biologiques

Interceptions

- Détection par inspection phytosanitaire
- Dans les zones d'importation (ports et aéroports)



Prévention des invasions biologiques

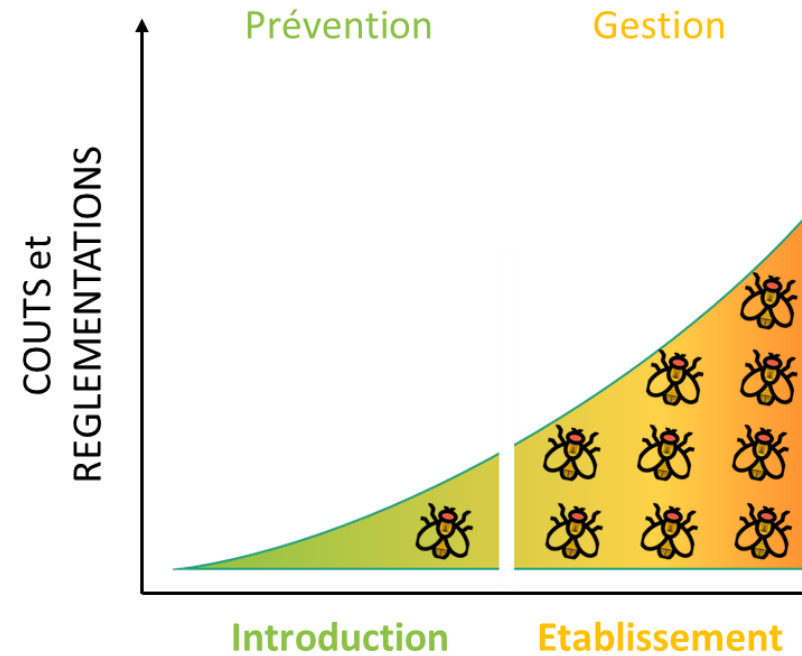
Interceptions

- Détection par inspection phytosanitaire
- Dans les zones d'importation (ports et aéroports)

Incursions

- Sans hypothèse de reproduction
- Quelques individus

- Détection par piégeage et collecte dans les cultures
- Sur le territoire (vergers)



Foyers

- Avec hypothèse de reproduction (détection de larves)
- Nombreux individus
- Suspicion d'établissement
- Mise en place de mesures d'éradication

Protection de la santé des végétaux

Règlement d'exécution de la Commission (UE) 2019/2072

→ Liste des **organismes de quarantaine** de l'Union

→ **20 organismes de quarantaine prioritaires**

16 Insectes

2 Bactéries

1 Champignon

1 Nématode

8 Coléoptères

4 Diptères (Tephritidae)

3 Lépidoptères

1 Hémiptère

Anastrepha ludens



Bactrocera dorsalis



Bactrocera zonata



Rhagoletis pomonella



La mouche orientale des fruits

Bactrocera dorsalis (Hendel, 1912)

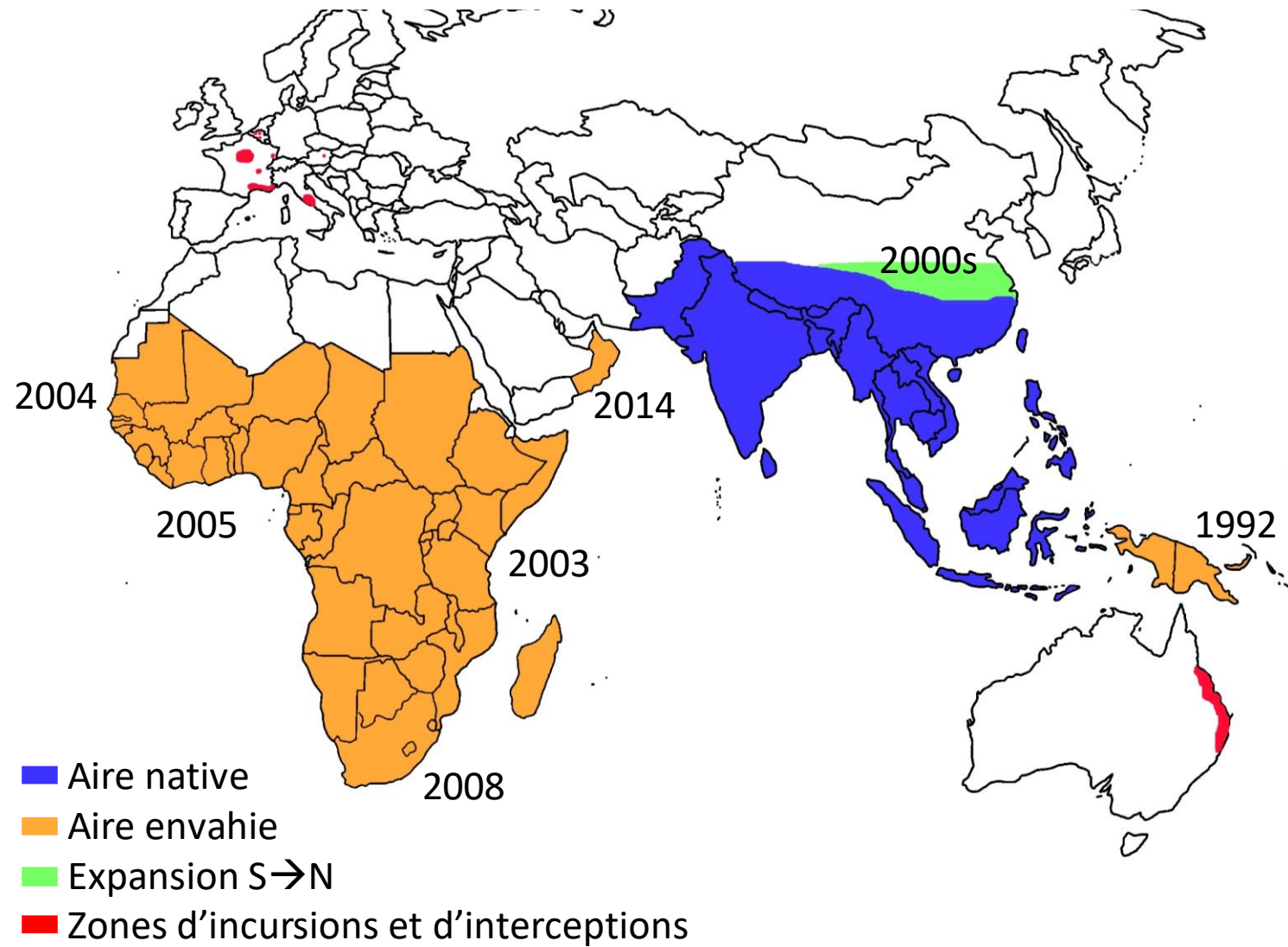


→ Organisme de quarantaine **prioritaire** de l'Union

- Espèce envahissante
- Espèce ravageuse
- Espèce avec une large gamme d'hôtes
- Espèce aux portes de l'Union Européenne

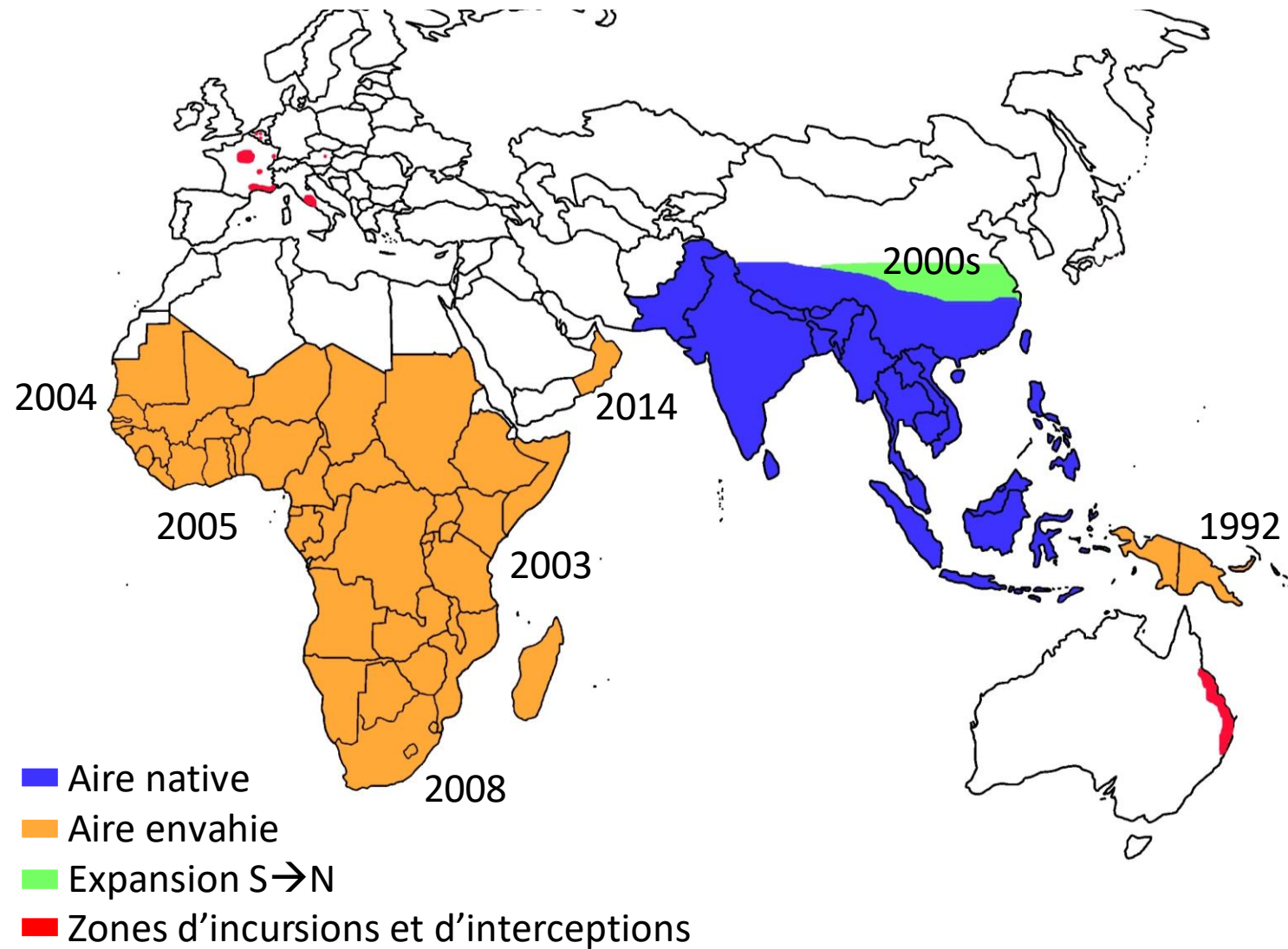
La mouche orientale des fruits

Espèce envahissante



La mouche orientale des fruits

Espèce envahissante



Espèce ravageuse des fruits et légumes

>300 espèces hôtes (mangue, agrumes, cucurbitacées, fruits à noyaux, ...)



La mouche orientale des fruits en Europe

Origine géographique des interceptions européennes de *B. dorsalis*

Mangue (64,5%)



Attier (8,9%)

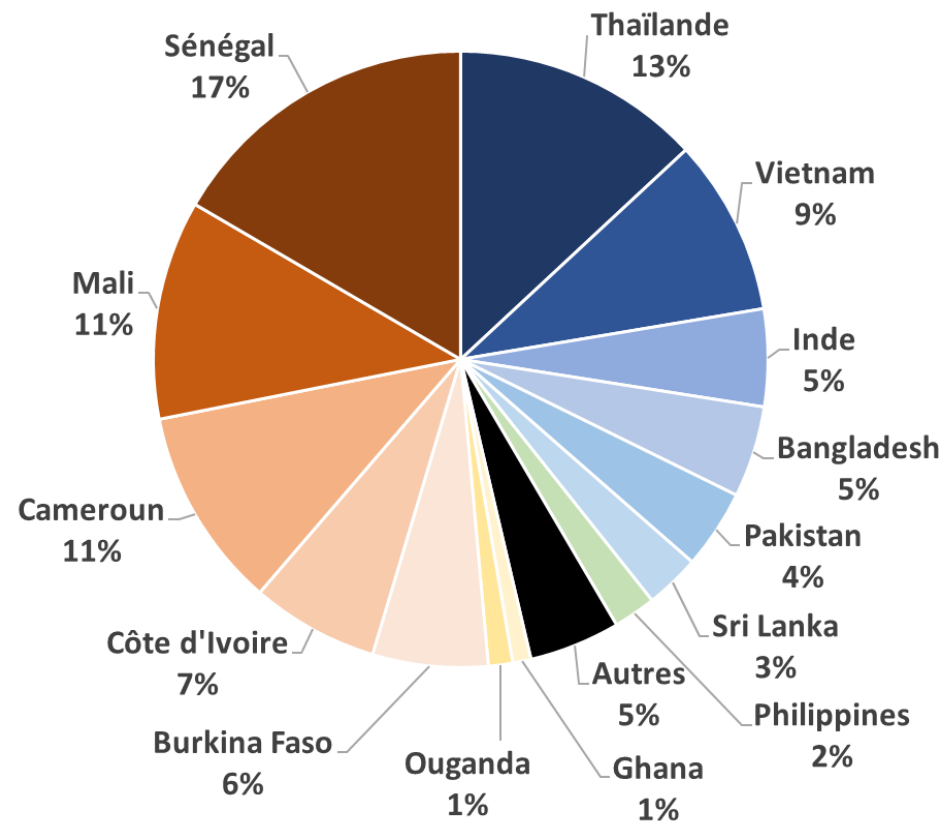


Goyave (6,7%)



Afrique l'Ouest : 54,0%

Asie continentale : 40,6%



Selon les bases de références EUROPHYT et TRACE-NT (2005-2023)

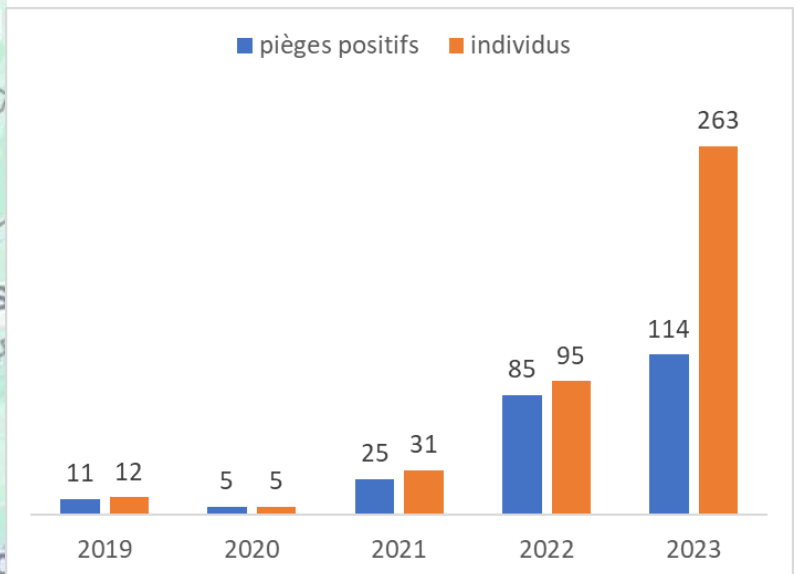
La mouche orientale des fruits en Europe

Augmentation du nombre d'incursions européennes de *B. dorsalis*

Méthyl-Eugénol = Leurre chimique mâle utilisé pour la surveillance et l'échantillonnage

Premiers signalements :

- Autriche : 2016
- Italie : 2018 (« Foyer », 2022)
- France : 2019
- Belgique : 2023



Incursions Françaises de *B. dorsalis* (2019-2023)

Prévention de l'invasion de *B. dorsalis* en Europe

Connaître l'origine des incursions

- Pour informer sur la dispersion de *B. dorsalis* (naturelle vs assistée par l'Homme)
- Pour identifier les pays exportateurs de fruits/légumes contaminés
 - cibler les restrictions ou interdictions d'exportation
 - renseigner les modèles d'évaluation du risque d'établissement
 - informer sur la gamme d'hôtes de la population d'origine
 - informer sur le climat dans la région d'origine

Le complexe *B. dorsalis*

Définition : **Espèces regroupées pour partager des caractères morphologiques**

(Drew & Hancock 1994, Drew 1989, Hardy 1969)

→ **86 espèces**

Majorité des espèces distinguables morphologiquement

Le complexe *B. dorsalis*

Définition : **Espèces regroupées pour partager des caractères morphologiques**

(Drew & Hancock 1994, Drew 1989, Hardy 1969)

→ **86 espèces**

Majorité des espèces distinguables morphologiquement

Minorité d'espèces non différenciables morphologiquement

Implique souvent *B. dorsalis*

Critères ambigus : Etendue de la bande costale (aile) / Coloration des 3^e et 4^e tergites (abdomen)



Le complexe *B. dorsalis*

Illustration d'une ambiguïté morphologique avec *B. dorsalis*

B. carambolae



B. dorsalis



B. occipitalis



Le complexe *B. dorsalis*

Illustration d'une ambiguïté morphologique avec *B. dorsalis*

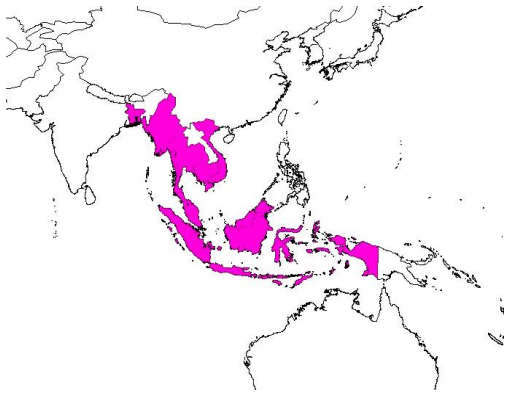
B. carambolae



B. dorsalis



B. occipitalis

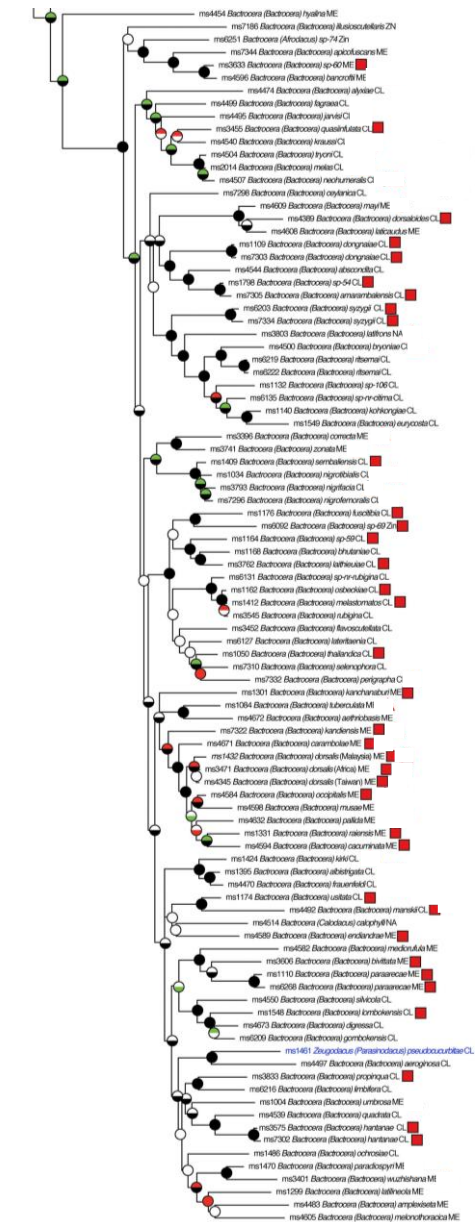


→ 45% des individus d'Asie du Sud-Est présentent des ambiguïtés morphologiques entre ces 3 espèces

Le complexe *B. dorsalis*

86 espèces

→ Groupe non monophylétique



Phylogénie bayésienne de la tribu des Dacini 7 gènes mt et nu (San Jose et al. 2018)

■ 36 espèces du complexe

Le complexe *B. dorsalis*

86 espèces

→ Groupe non monophylétique

Clade *B. dorsalis sensu lato*

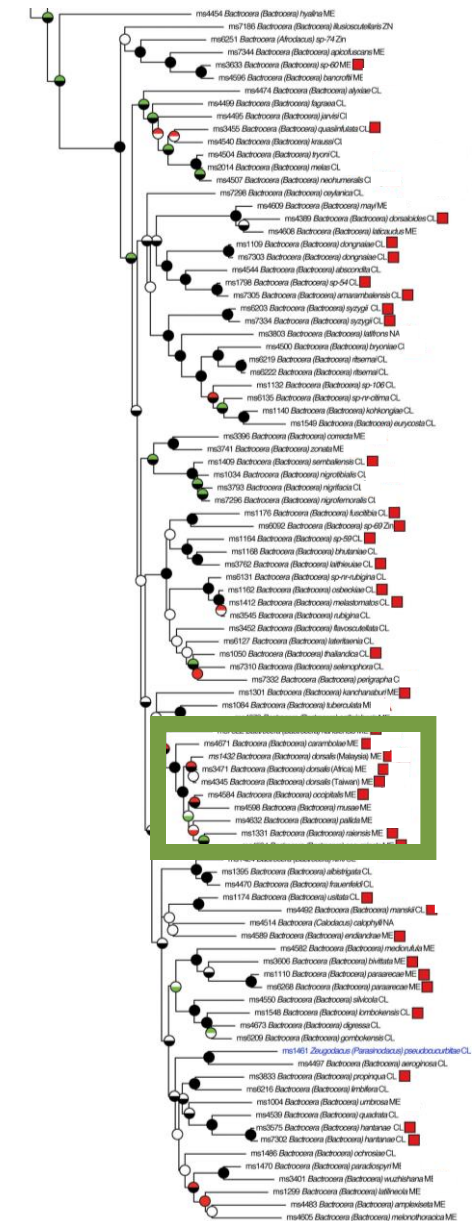
→ Groupe monophylétique

B. dorsalis ■

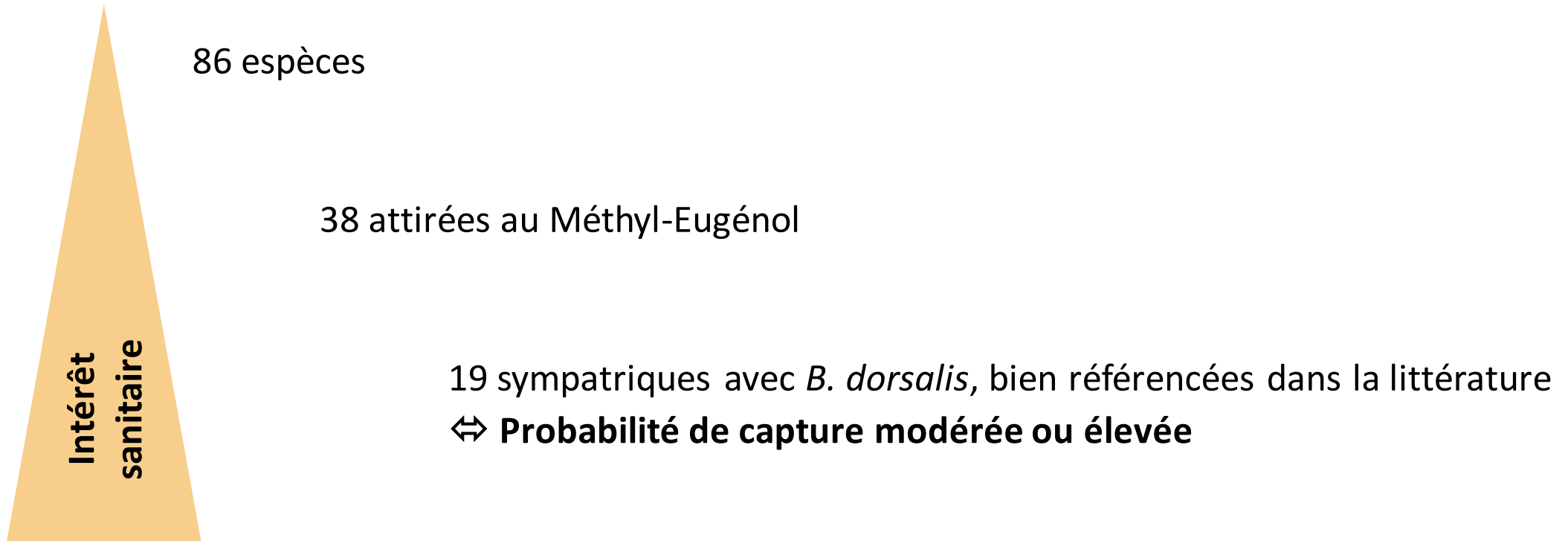
B. kandiensis ■ *B. carambolae* ■

B. occipitalis ■ *B. raiensis* ■ *B. cacuminata* ■

B. musae *B. pallida*



Les espèces présentant un risque dans le cadre de la surveillance de *B. dorsalis*



Etude de la variation génétique

Interspécifique

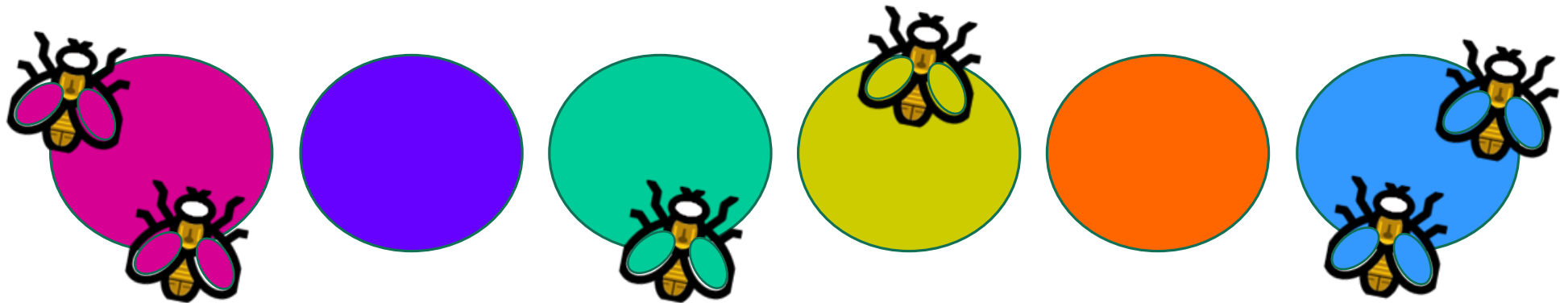
Intraspécifique

Définition de groupes génétiques

Attribuer le statut spécifique

Attribuer l'origine géographique

*Appliqué
(Surveillance)*



Connaissances actuelles de la variation génétique interspécifique

Marqueurs génétiques traditionnels

- Séquences du gène mitochondrial COI
- Séquences des gènes nucléaires ITS1 ou EIF3L

Recommandés dans les protocoles utilisés pour l'identification dans les plans de surveillance
(IPPC, 2019; Plant Health Australia, 2020)

| | Morphologie | COI | EIF3L / ITS1 |
|-----------------------|-------------|-----|--------------|
| <i>B. cacuminata</i> | ✓ | ✓ | ✗ |
| <i>B. carambolae</i> | ✗ | ✗ | ✓ |
| <i>B. endiandrae</i> | ✓ | ✓ | ✗ |
| <i>B. kandiensis</i> | ✓ | ✗ | ✗ |
| <i>B. latilineola</i> | ✓ | ✓ | ✗ |
| <i>B. occipitalis</i> | ✗ | ✓ | ✗ |
| <i>B. opiliae</i> | ✓ | ✓ | ✗ |
| <i>B. raiensis</i> | ✓ | ✗ | ✗ |

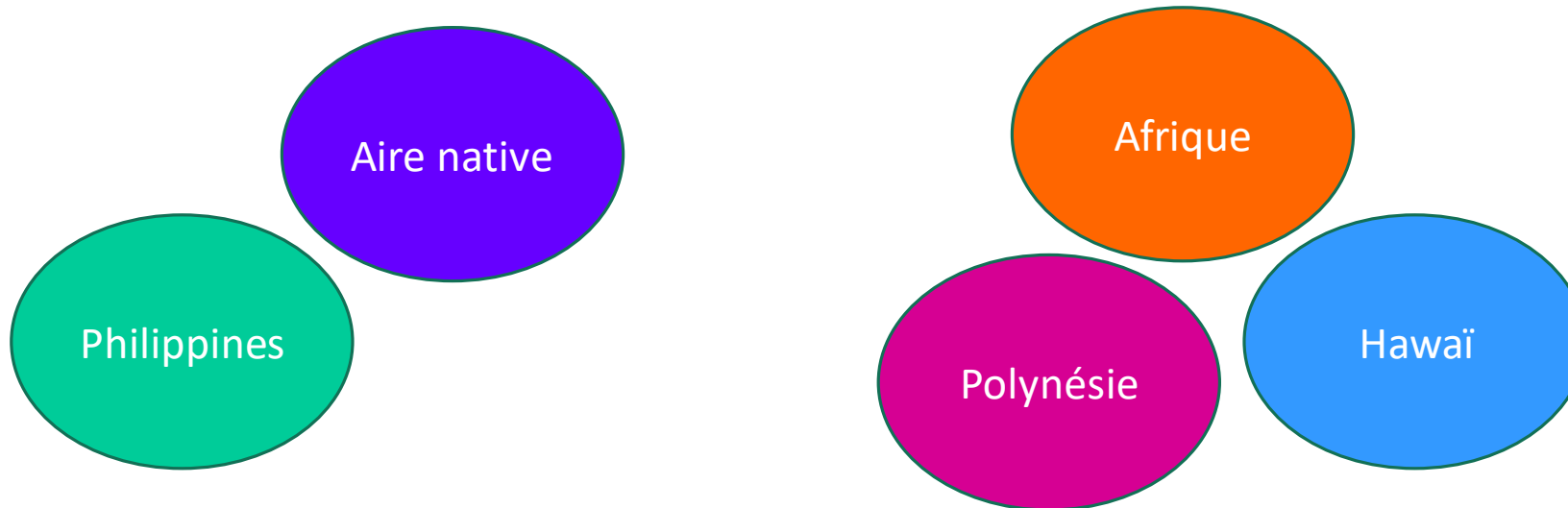
Discriminer *B. dorsalis* des autres espèces du complexe
(Charbonnel et al. 2023)

Connaissances actuelles de la variation génétique intraspécifique

Marqueurs génétiques traditionnels

- Séquences du gène mitochondrial COI : San Jose et al. 2018, Qin et al. 2018
- Microsatellites nucléaires : Qin et al. 2018

Description de l'aire native et des événements d'introduction majeurs



Connaissances actuelles de la variation génétique intraspécifique/interspécifique

Manque de résolution spécifique et géographique des marqueurs traditionnels

- Faible divergence
 - Interspécifique : Spéciation en cours / Hybridation récente ou ancienne
 - Intraspécifique : Processus d'invasion
- Petit nombre de marqueurs analysé (<10 marqueurs)

B. dorsalis – *B. carambolae*

B. dorsalis – *B. kandiensis*

La promesse de la génomique

Objectif : **Améliorer la représentation du génome**

Génome



**Séquençage complet de génome
(WGR)**

Accéder à l'ensemble de l'information génomique

→ Millions de marqueurs (SNP)

La promesse de la génomique

Objectif : **Améliorer la représentation du génome**

Génome



↙
**Séquençage complet de génome
(WGR)**

Accéder à l'ensemble de l'information génomique

→ Millions de marqueurs (SNP)

↘
**Séquençage à représentation réduite
(RRS)**

Accéder à une grande partie de l'information génomique

Stratégie RAD-seq (Baird et al. 2008)
= réduction du génome aux régions adjacentes à
un site de restriction ■
→ Centaines de milliers de marqueurs (SNP)

Etude de la variation génomique

Interspécifique

Intraspécifique

Définition de groupes génétiques

Attribuer le statut spécifique

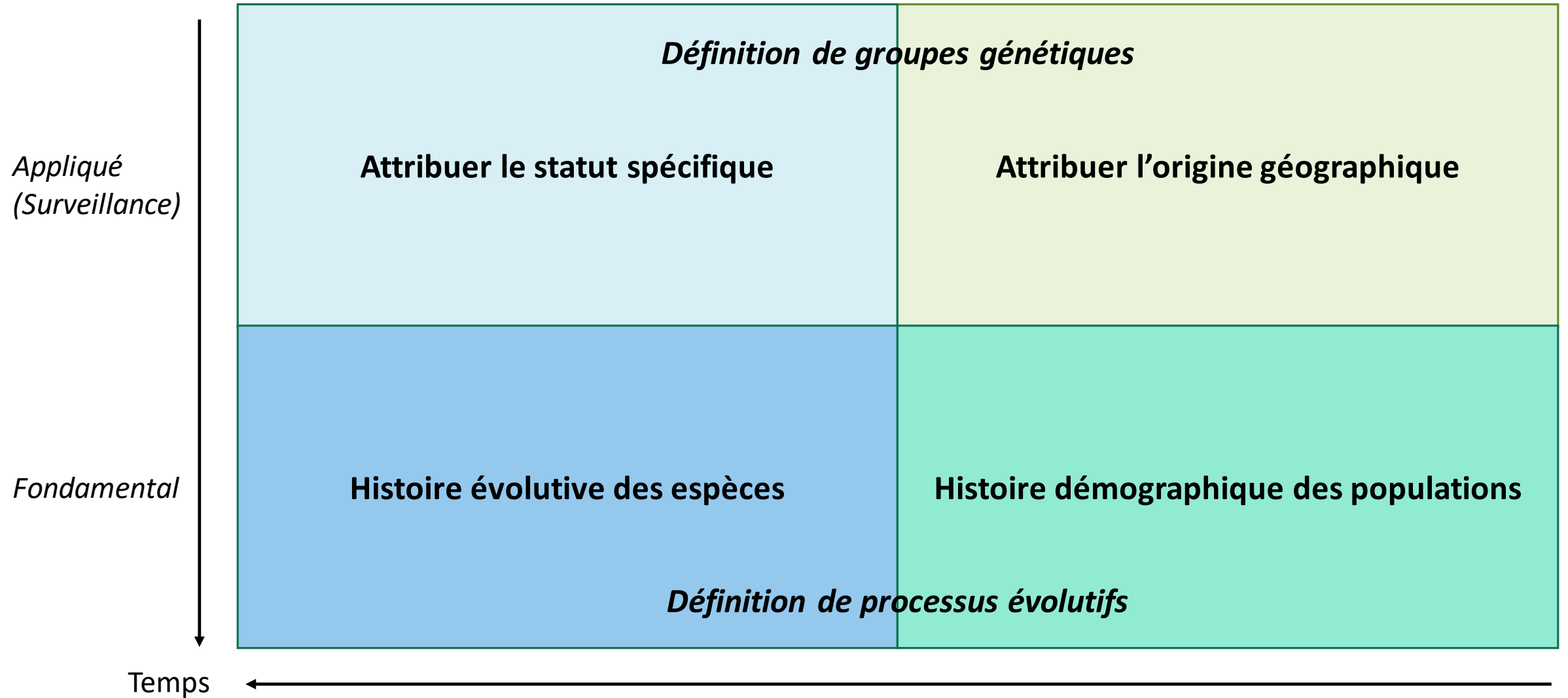
Attribuer l'origine géographique

*Appliqué
(Surveillance)*

Etude de la variation génomique

CHAPITRE 1

CHAPITRE 2



« Best-RAD » : Principe

Enzyme de restriction = PstI → 10% du génome représenté

RAD-seq (Baird et al. 2008)

Faiblesses

- **Taux de clones de PCR élevé (20-95%)**
 - Perte de l'effort de séquençage
 - Erreur de génotypage
- **Variation dans la profondeur des marqueurs entre et au sein des individus**
 - Données manquantes

« Best-RAD » : Principe

Enzyme de restriction = PstI → 10% du génome représenté

RAD-seq (Baird et al. 2008)

Faiblesses

- **Taux de clones de PCR élevé (20-95%)**
 - Perte de l'effort de séquençage
 - Erreur de génotypage
- **Variation dans la profondeur des marqueurs entre et au sein des individus**
 - Données manquantes

Best-RAD (Ali et al. 2016)

→ 2 améliorations majeures

- **Enrichissement des librairies en fragments portant le site de restriction**
 - ↘ nombre de clones de PCR
 - ↗ concentration des librairies
 - ↘ effort de séquençage
- **Augmentation du multiplexage des individus**
 - ↘ temps et coûts de manipulation

« Best-RAD » : Protocole

Mise au point : (Benoit et al. in prep., protocols.io ; Charbonnel et al. in prep)

- En accord avec le principes FAIR (Findable, Accessible, Interoperable, Reusable)
- Modifications mineures
- Evaluation de la qualité des données de séquence
 - Clones de PCR (20-30%)
 - Pour des ADN de faible quantité et/ou de qualité modérée

« Best-RAD » : Traitement bio-informatique

- Alignement sur le génome nucléaire de référence de *B. dorsalis* (468,7Mb, Jiang et al. 2022) masqué des éléments répétés
- Appel des SNP (Gstacks2, Rochette et al. 2019) : Fréq. allélique minimale = 0,05 / Sans preuve de paralogie
- Evaluation de la qualité des SNP (duplicats)
 - Gamme de filtres optimale*
 - Qualité génotype >20 ou Profondeur du génotype >6X
 - Prop. de génotypes manquants par SNP <20%
 - Appel des SNP (95%)
 - Erreur de génotypage (<0,05%)

→ **Validation du protocole**

« Best-RAD » : Application au complexe *B. dorsalis*

Echantillonnage parmi les 19 espèces ayant un risque élevé de capture avec *B. dorsalis*

- Dans les collections de référence (M. Schutze collaboration, QDAF, Australie)
- Identification morphologique et moléculaire : COI + EIF3L
(Drew & Romig 2013, 2016, IPPC 2019, Plant Health Australia 2018, White & Elson-Harris 1992)

11 espèces

+ 2 espèces appartenant au clade *B. dorsalis s.l.* et attirées au Méthyl-Eugénol

+ 3 individus non identifiés à l'espèce

Dont 6 ravageuses de culture

Dont 3 espèces interceptées en Europe (*B. dorsalis*, *B. carambolae*, *B. kandiensis*)

« Best-RAD » : Application au complexe *B. dorsalis*

Echantillonnage parmi les 19 espèces ayant un risque élevé de capture avec *B. dorsalis*

- Dans les collections de référence (M. Schutze collaboration, QDAF)
- Identification morphologique et moléculaire : COI + EIF3L
(Drew & Romig 2013, 2016, IPPC 2019, Plant Health Australia 2018, White & Elson-Harris 1992)

11 espèces

+ 2 espèces appartenant au clade *B. dorsalis s.l.* et attirées au Méthyl-Eugénol

+ 3 individus non identifiés à l'espèce

→ 14 993 locus polymorphes de qualité

83 747 SNP

dont 4 051 SNP indépendants

(Dist. physique >2KB + Coef. corrélation longue distance $\leq 0,3$ [1kb])

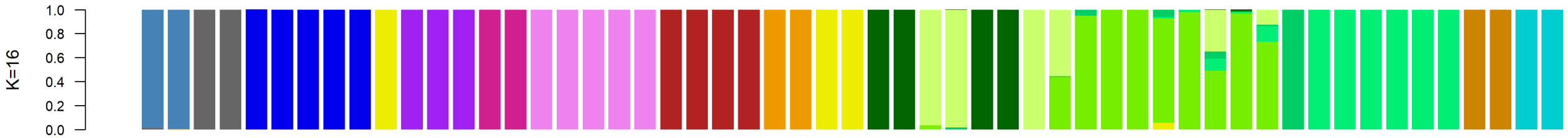
11 espèces

52 individus

+ 3 individus ambigus

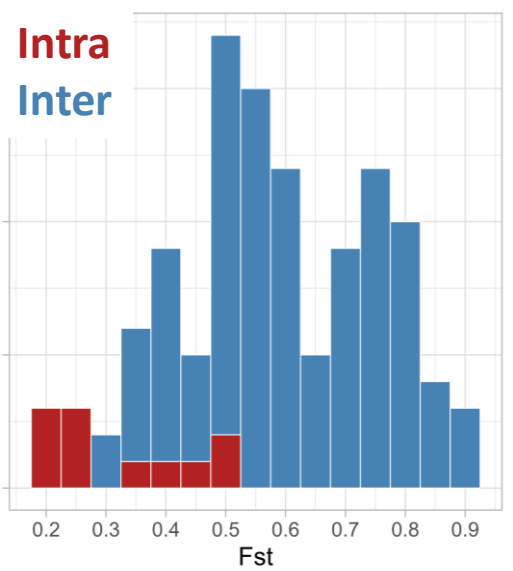
Délimitation génomique des espèces

Estimation de l'ascendance des individus à K groupes génétiques sur la base d'un modèle de maximum de vraisemblance → ADMIXTURE (Alexander et al. 2009)



Délimitation génomique des espèces

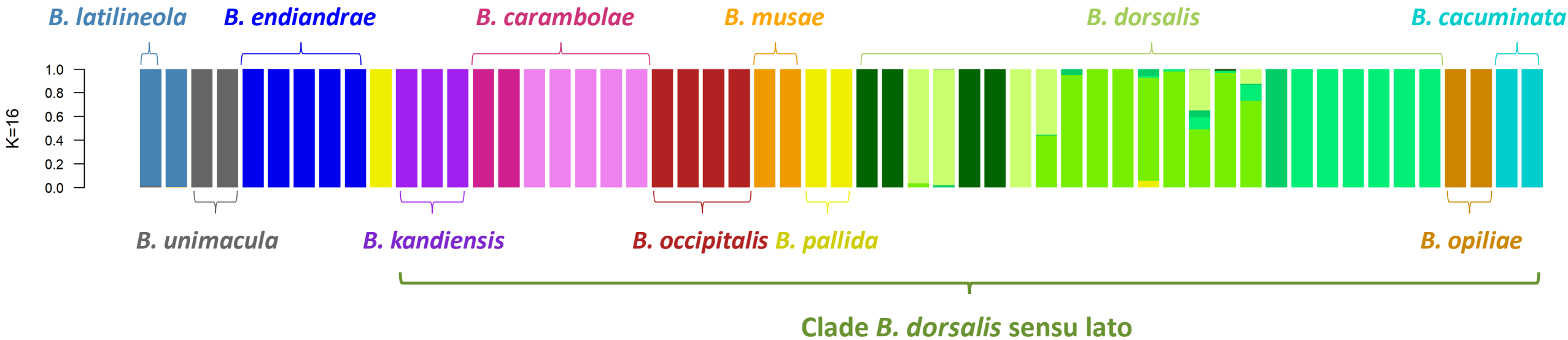
Estimation de l'ascendance des individus à K groupes génétiques sur la base d'un modèle de maximum de vraisemblance → ADMIXTURE (Alexander et al. 2009)



K=16 > 11 espèces morphologiques
 Différenciations inter- et intraspécifique chevauchantes

Délimitation génomique des espèces

Estimation de l'ascendance des individus à K groupes génétiques sur la base d'un modèle de maximum de vraisemblance → ADMIXTURE (Alexander et al. 2009)



Les données génomiques permettent de différencier les 11 espèces étudiées.

Absence d'introgession nucléaire interspécifique récente.

Etude de la variation génomique interspécifique

CHAPITRE 1

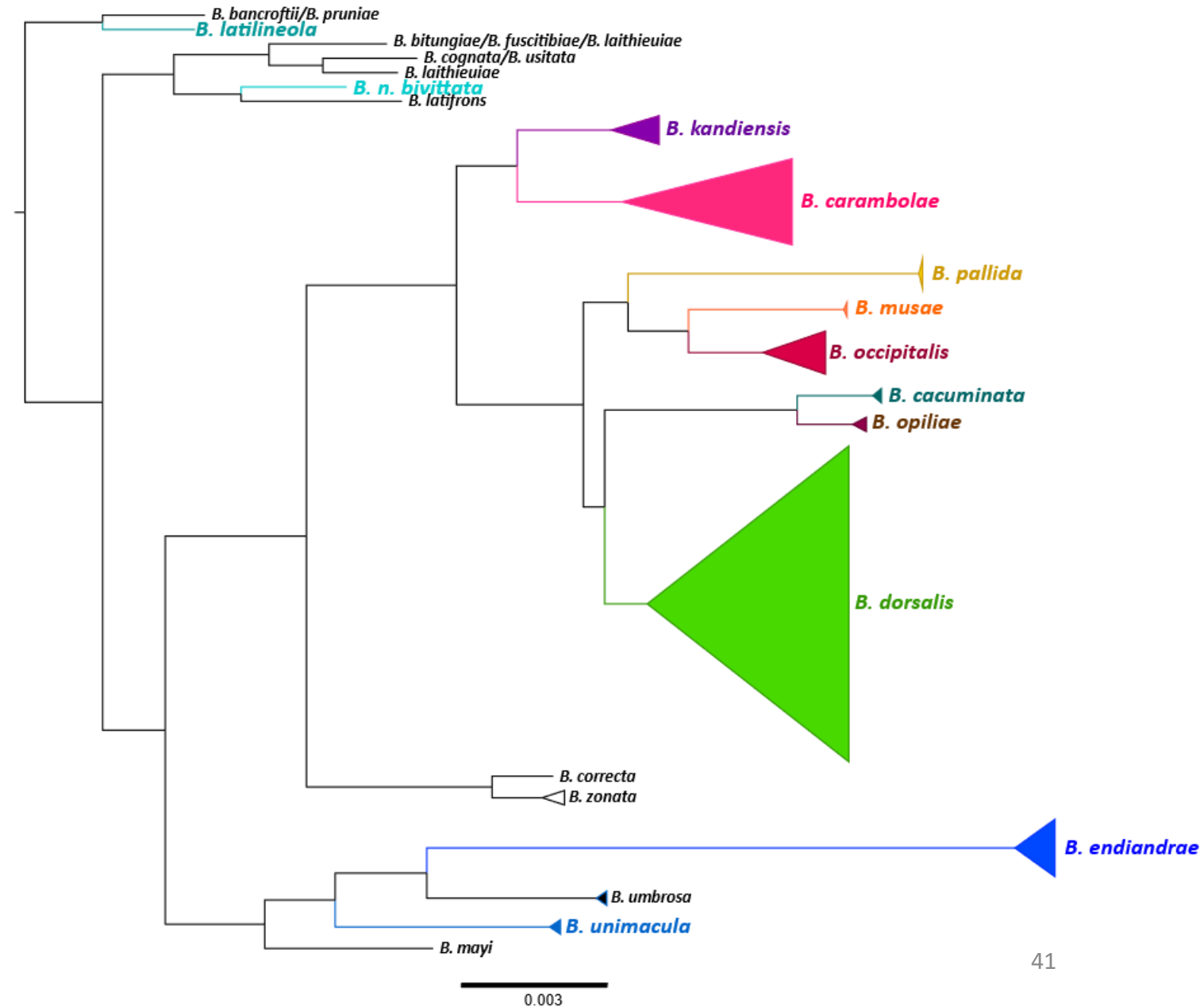
Attribuer le statut spécifique

Histoire évolutive des espèces

Phylogénie en Maximum de Vraisemblance

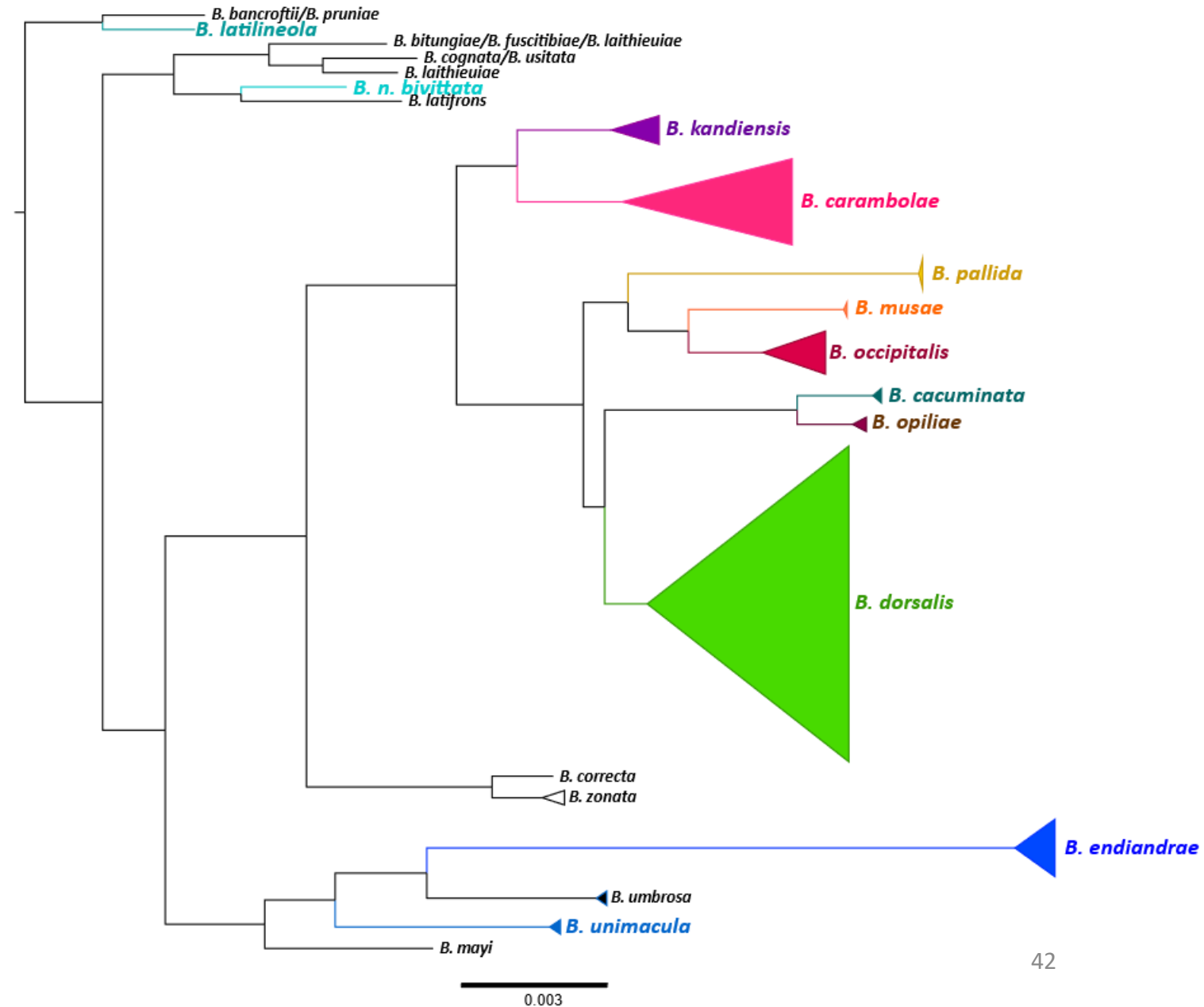
→ IQ-TREE 2 (Minh et al. 2020)

Le complexe *B. dorsalis* ne forme pas un groupe monophylétique.



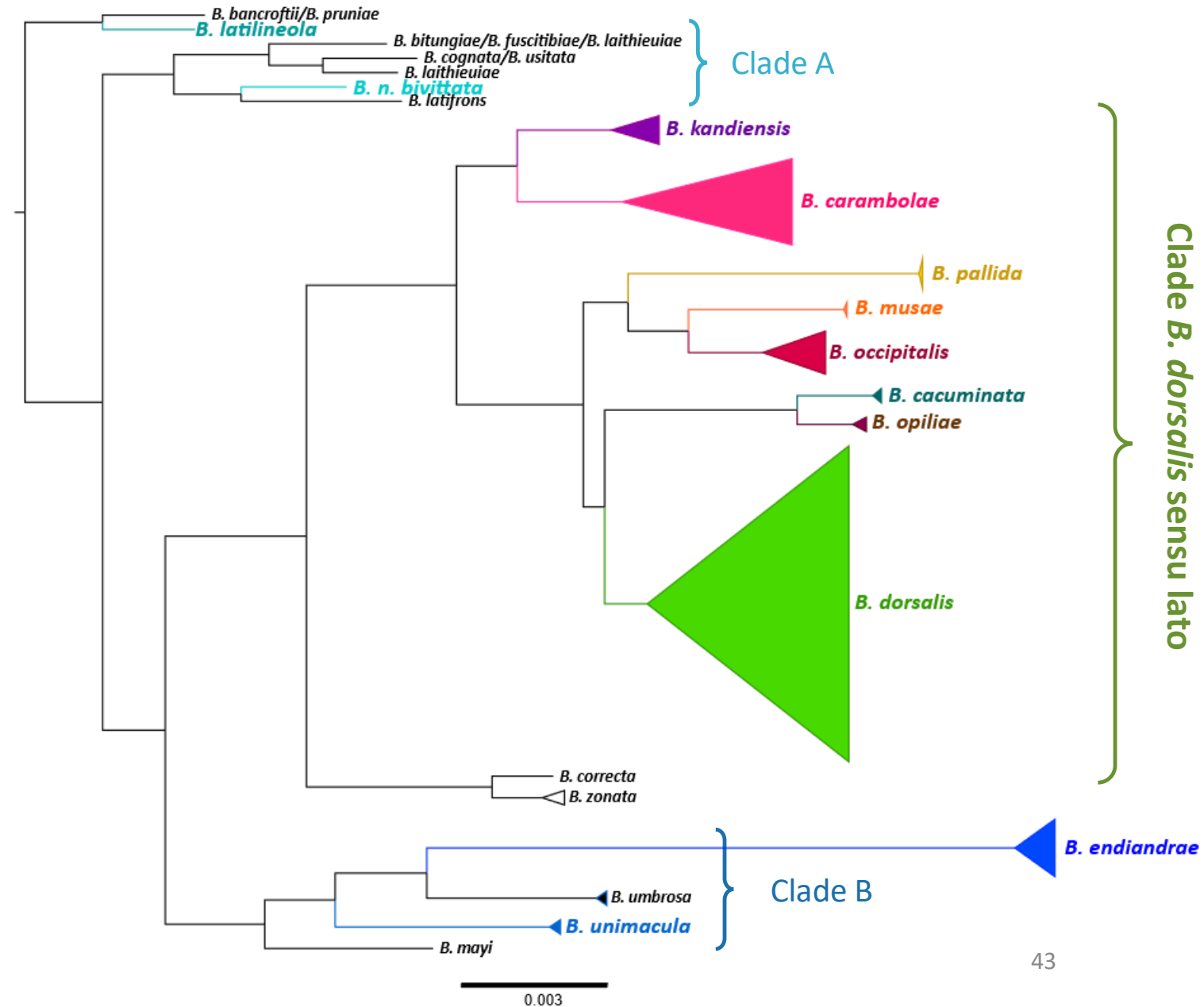
Phylogénie en Maximum de Vraisemblance

Chaque espèce est bien différenciée
(Bootstraps = 100%)

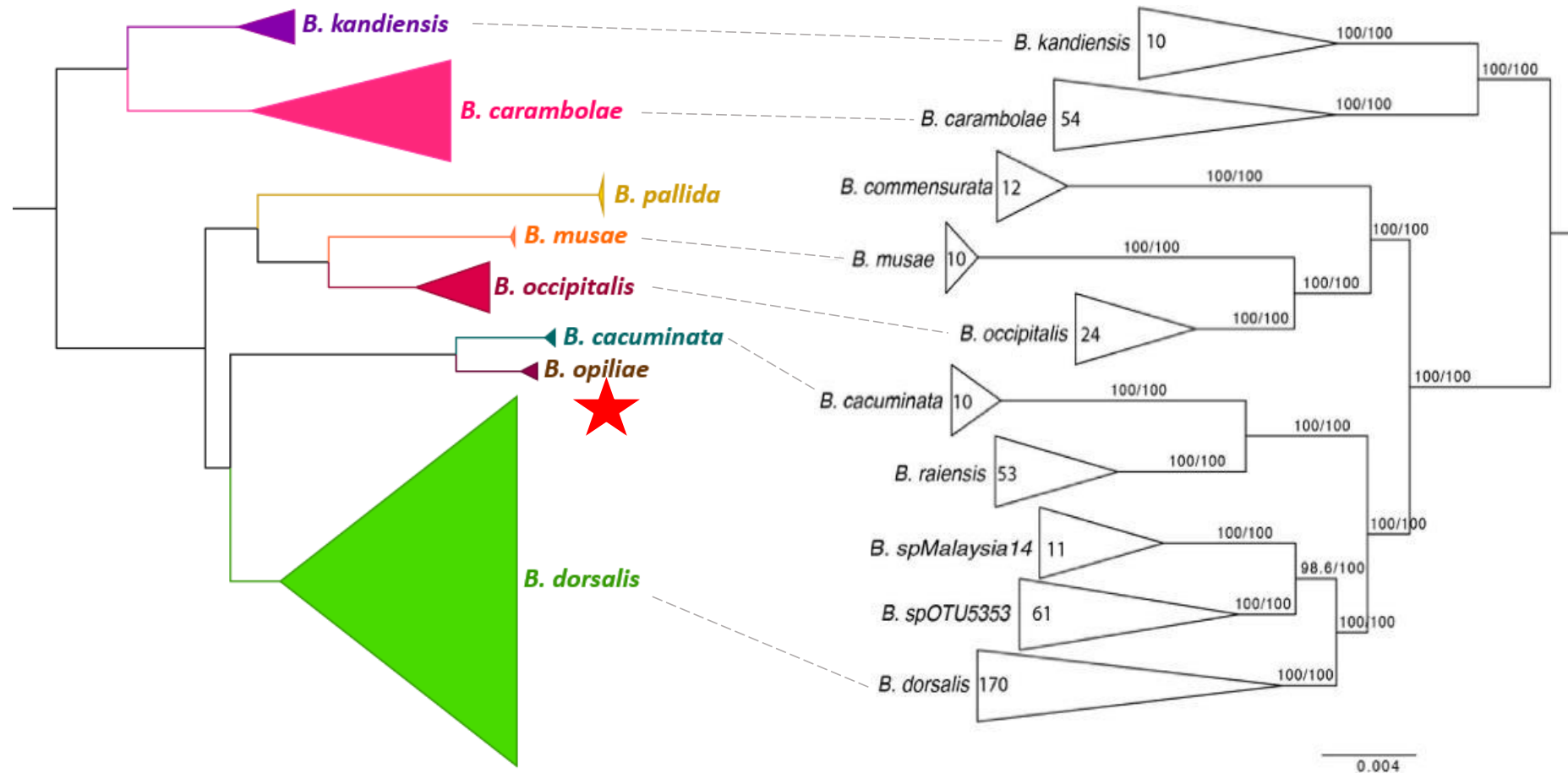


Phylogénie en Maximum de Vraisemblance

Les données génomiques supportent l'existence du clade *B. dorsalis* s.l.



Phylogénie en Maximum de Vraisemblance



Concordance avec une étude similaire.

Positionnement de *B. opiliae* au sein du clade.

Arbre en maximum de vraisemblance à partir de 486 RAD-loci (San Jose et al. 2023)

Etude de la variation interspécifique : Conclusion

- Les données génomiques permettent de différencier les 11 espèces étudiées, sans preuve d'introggression nucléaire interspécifique récente dans les échantillons étudiés.
- Les données génomiques valident la topologie du clade *B. dorsalis* sensu lato.



➔ Ces données peuvent servir de référence pour l'identification des individus d'incursions.

Etude de la variation génomique intraspécifique

CHAPITRE 2

Attribuer l'origine géographique

« RAD-capture » : Principe

« Best-RAD »

+

Capture des marqueurs

(Ali et al. 2016)

= réduction supplémentaire du génome à des fragments ciblés

➔ Milliers de marqueurs

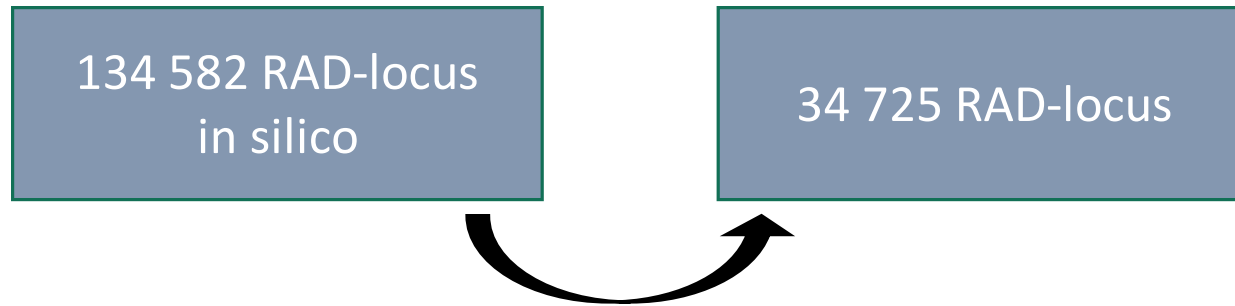
- **Enrichissement des librairies en fragments ciblés**

- ↗ concentration des librairies

- ↘ effort de séquençage

- ↗ répétabilité (↘ données manquantes)

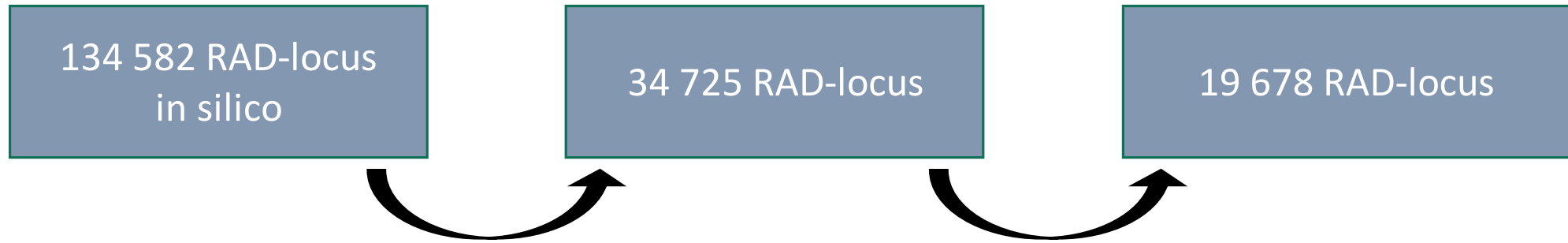
« RAD-capture » : Design de sondes MyBaits® spécifiques à *B. dorsalis*



- Production de ressources génomiques (« Best-RAD »)
68 *B. dorsalis*
- Sélection des locus informatifs :
 - Positionnement unique dans le génome
 - Qualité du locus
 - Diversité génétique

→ **Maximiser la qualité des données**

« RAD-capture » : Design de sondes MyBaits® spécifiques à *B. dorsalis*



- Caractéristiques biochimiques des sondes
 - Distance physique des locus
- **Maximiser la capacité de capture**

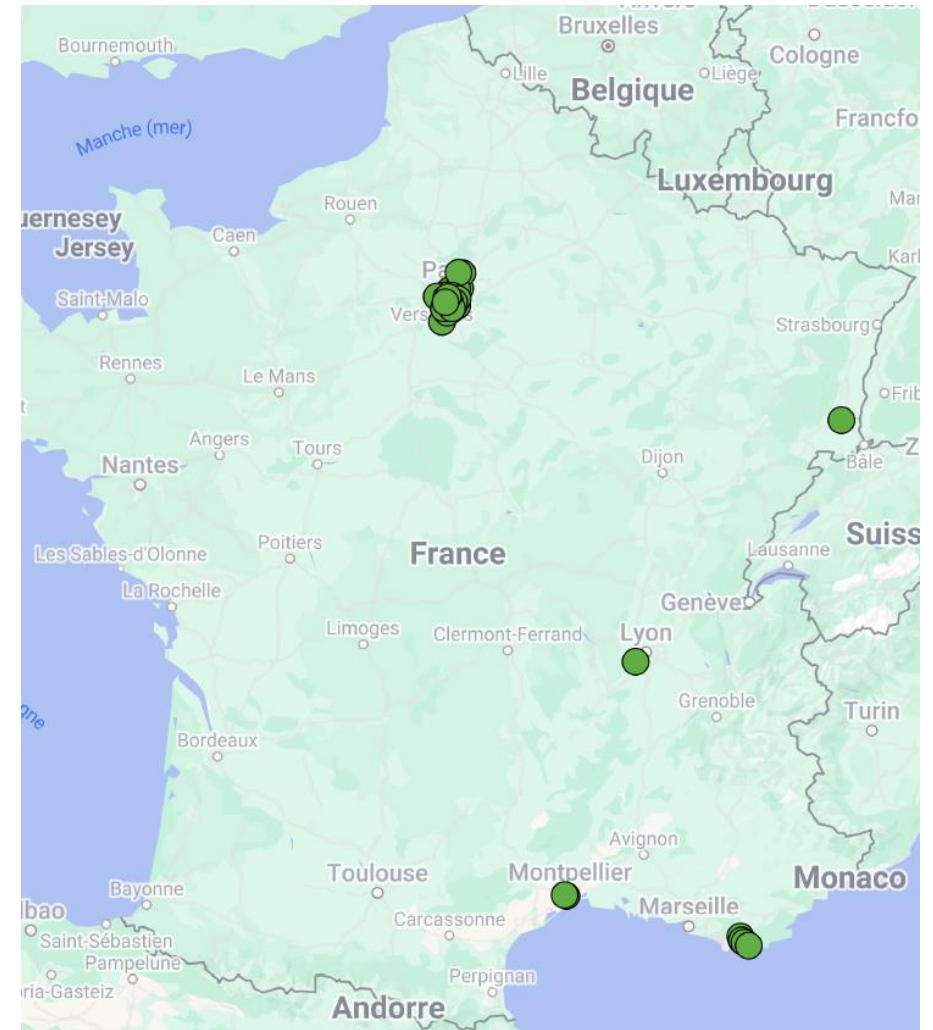
« RAD-capture » : Application aux incursions européennes

Autriche (15 ind.)

Italie (10 ind.)

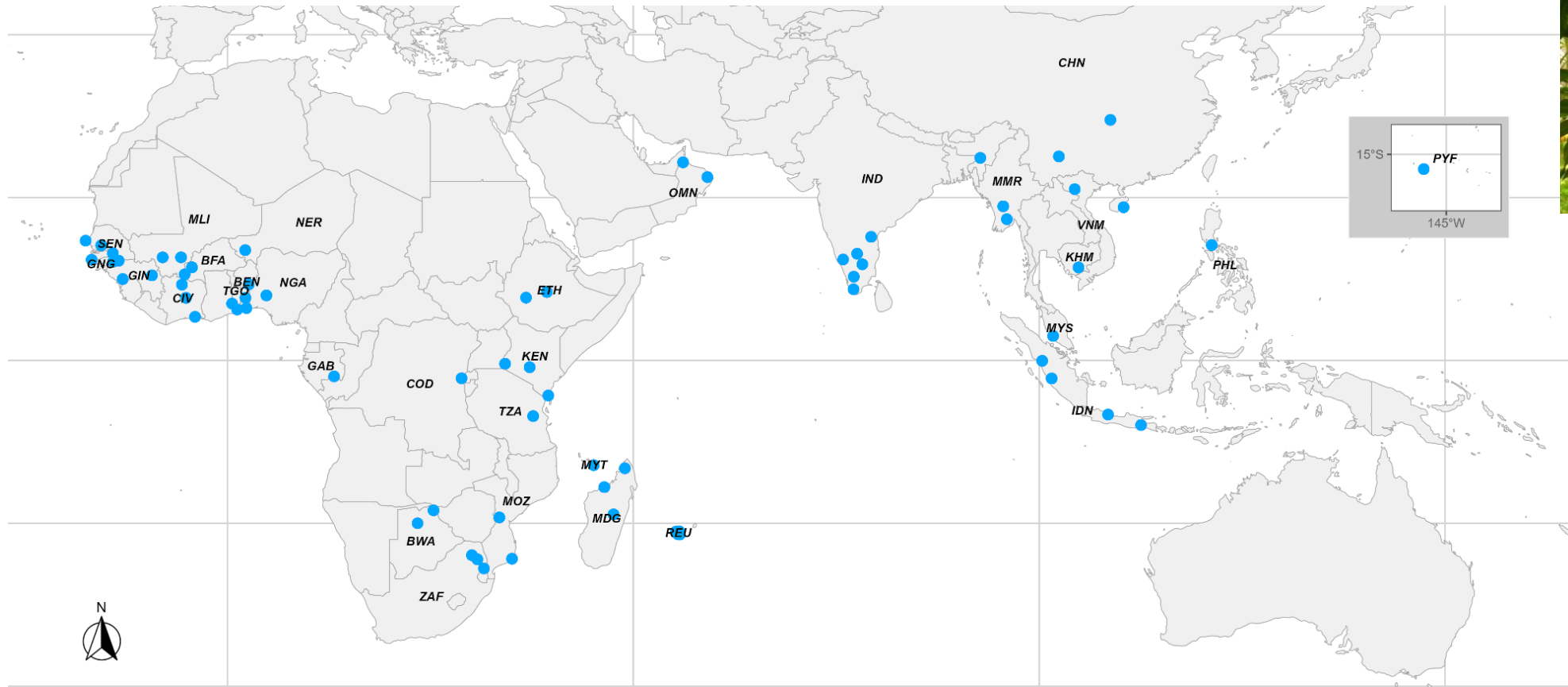
France (143 ind., 2019-2022, 39 villes)

Laboratoires de Santé des Végétaux (ANSES, AGES, IPSP)



« RAD-capture » : Application aux populations de référence de *B. dorsalis*

68 populations → 1 939 individus



Réseau mondial de collecteurs dans 32 pays/territoires d'outre-mer

Identification morphologique et génomique

→ 2 116 individus morphologiquement identifiés comme des *B. dorsalis*

Drew & Romig 2013, 2016, IPPC 2019, Plant Health Australia 2018, White & Elson-Harris 1992

→ 100% des incursions d'incursion génomiquement identifiés comme des *B. dorsalis*

Utilisation des données de références produites dans le chapitre précédant. 🗄️



« RAD-capture » : Application à *B. dorsalis*

→ 2 116 individus morphologiquement identifiés comme des *B. dorsalis*

Drew & Romig 2013, 2016, IPPC 2019, Plant Health Australia 2018, White & Elson-Harris 1992



→ 100% des incursions d'incursion génomiquement identifiés comme des *B. dorsalis*

Utilisation des données de références produites dans le chapitre précédant. 

→ **12 035 locus polymorphes capturés qui passent les filtres de qualité**

dont 9 859 SNP indépendants (Dist. physique >2KB + Coef. corrélation longue distance $\leq 0,3$ [1kb])

1 802 individus

62 populations

+ 135 incursions

Structure génomique mondiale de *B. dorsalis*

Estimation de l'ascendance des individus à K groupes génétiques sur la base d'un modèle de maximum de vraisemblance

→ ADMIXTURE (Alexander et al. 2009)

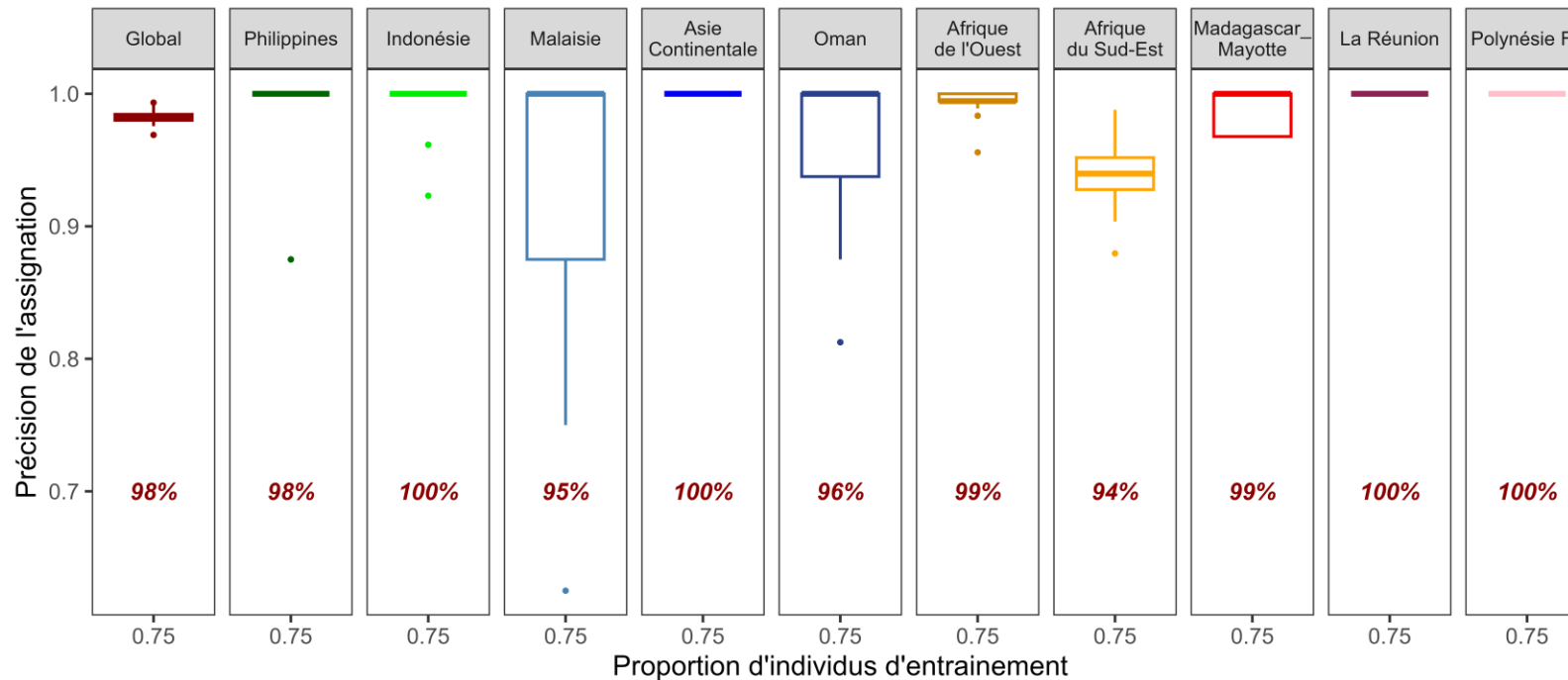


Les données génomiques permettent de décrire 10 groupes géographiques.

Assignation géographique des incursions

Evaluation de la précision d'assignation des données de référence grâce à une validation croisée par rééchantillonnage de Monte-Carlo (Machine learning)

→ AssignPOP (Chen et al. 2018)



Précision d'assignation à un des 10 groupes géographiques >95%.

Assignation géographique des incursions françaises

Evaluation de la probabilité d'appartenance des incursions françaises aux 10 groupes génétiques

→ AssignPOP (Chen et al. 2018)

Seuil de décision = Probabilité d'assignation > 80%

• 99 ind. (78,6%) → **Afrique de l'Ouest**



• 15 ind. (11,9%) → **Asie continentale**

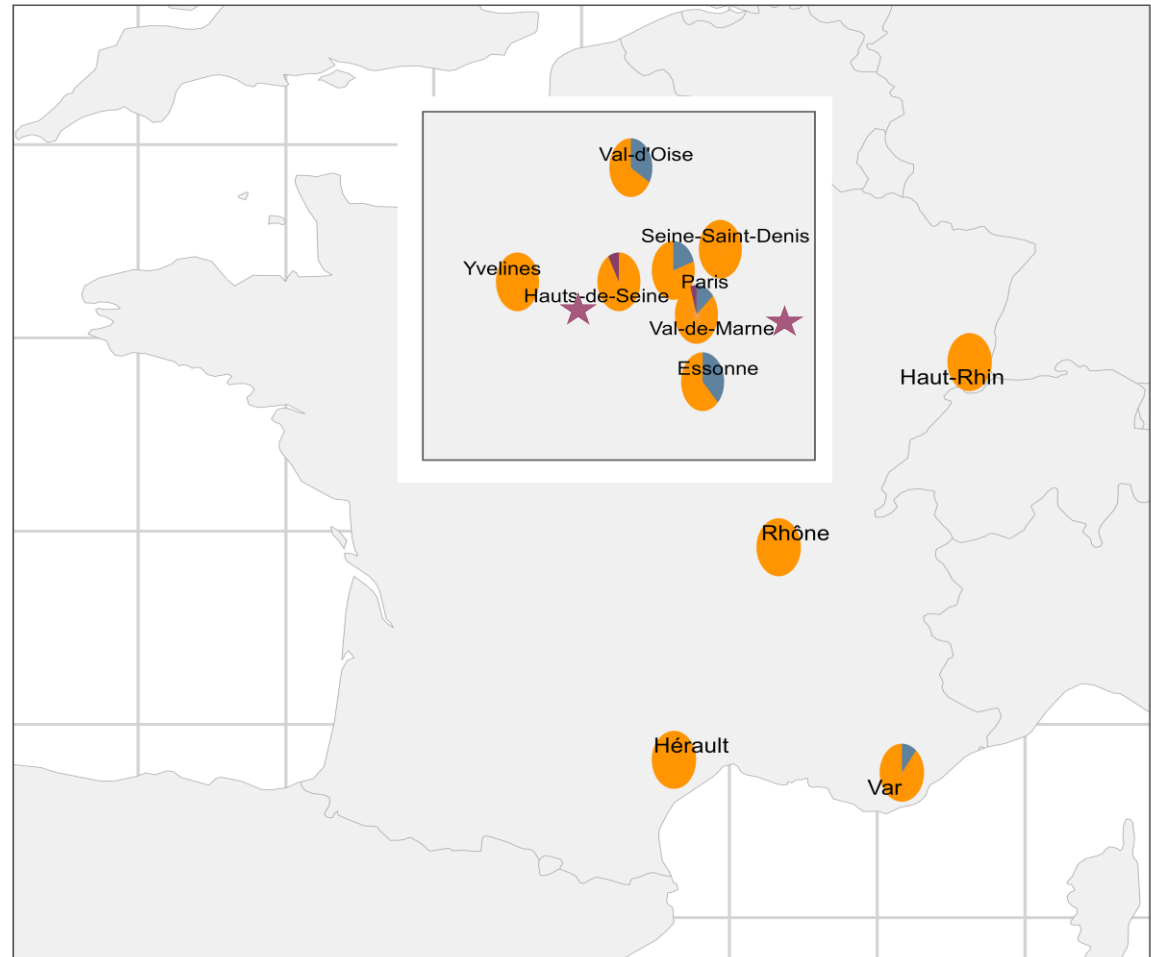
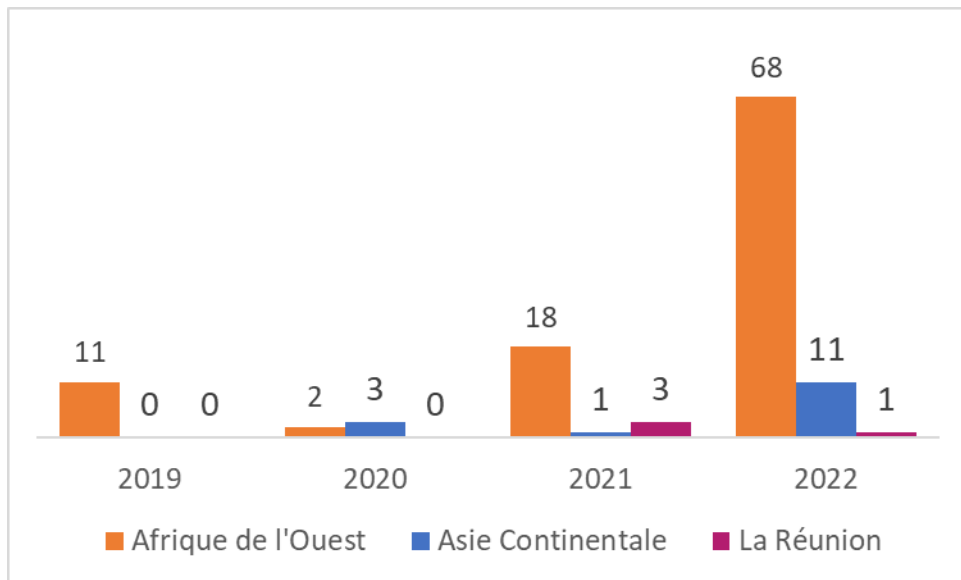


• 4 ind. (3,2%) → **La Réunion**



Assignation géographique des incursions françaises

Origines multiples des incursions sans effet apparent de la géographie et de l'année à l'échelle de la France.



Assignation géographique des incursions françaises

Probabilité d'assignation < 80%

8 individus (6%) dont l'assignation est partagée entre plusieurs groupes :

Afrique de l'Ouest / **Asie continentale** / **Afrique du Sud-Est**



Hypothèses sur l'incapacité à assigner certains individus :

- Population d'origine non représentée ?
- Faible différenciation génétique entre des paires de populations de référence ?
- Individus hybrides de 1^{er} ou 2^e génération entre :
 - Reproduction sur le territoire européen ?



X



?

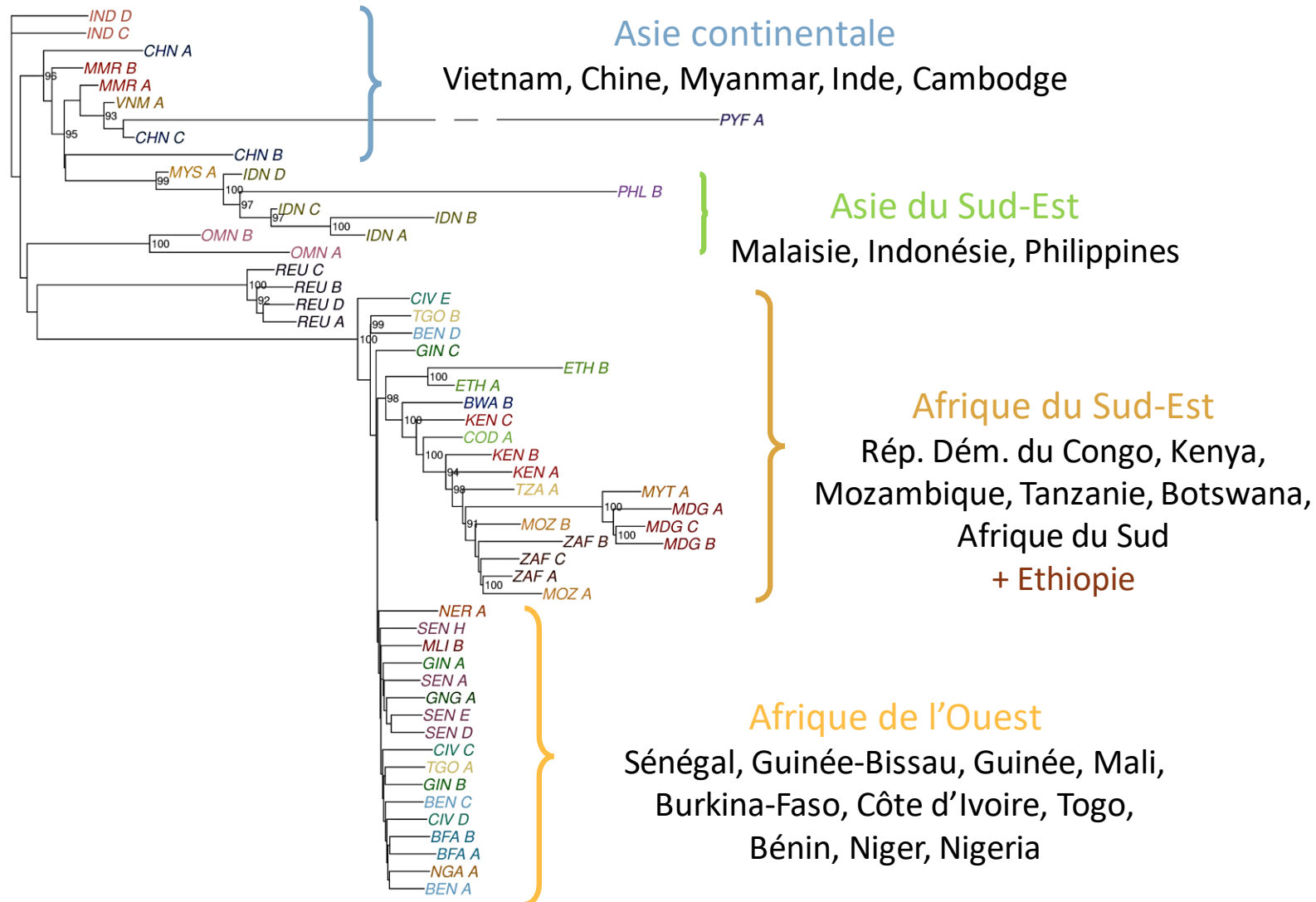
Etude de la variation génomique intraspécifique

CHAPITRE 2

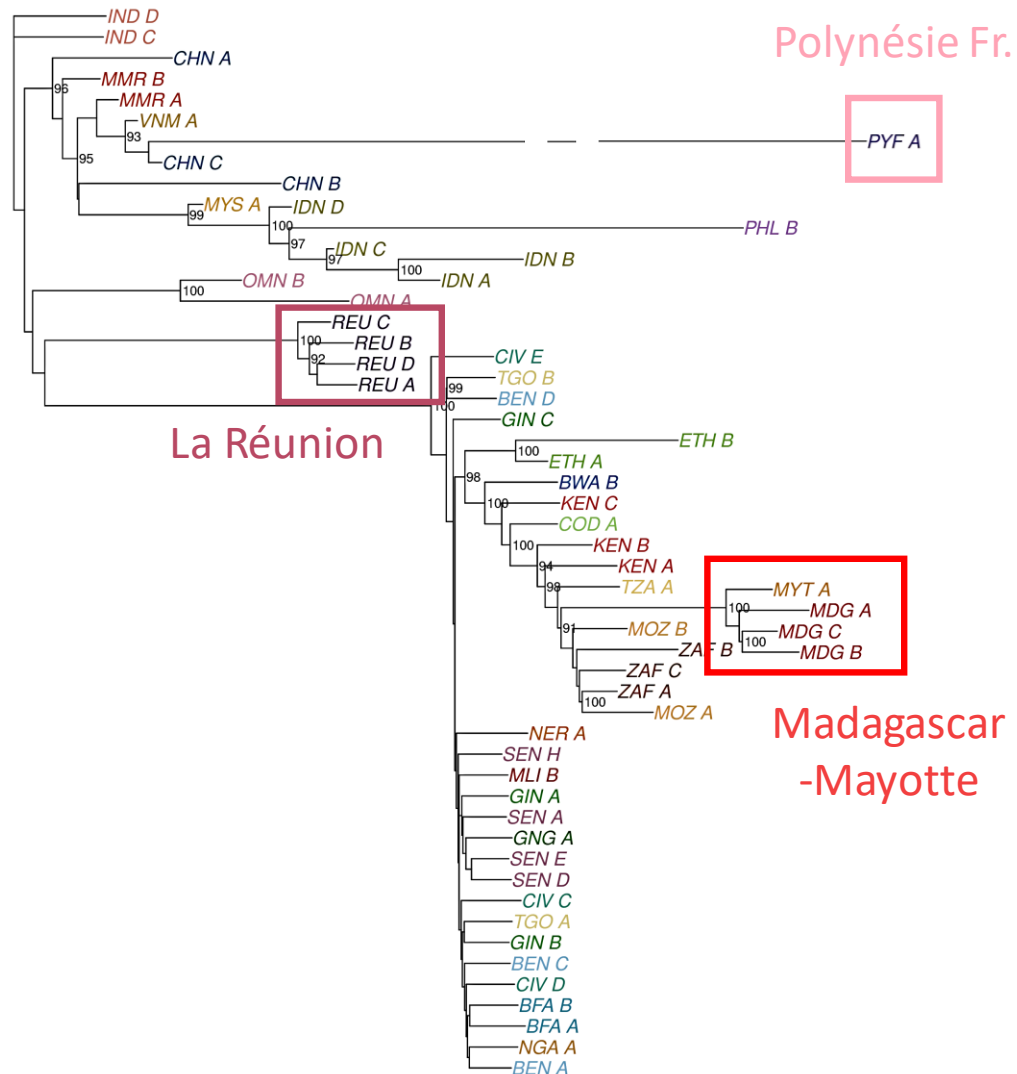


Informer sur les voies d'invasion de *B. dorsalis*

Arbre de distance génétique entre les populations basé sur la méthode de Neighbour-Joining



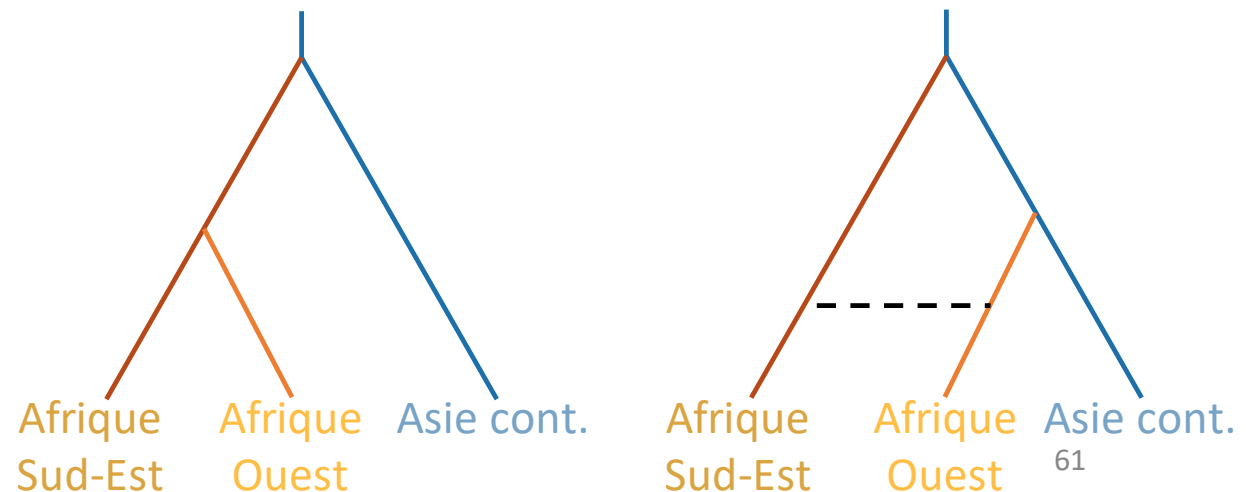
Informer sur les voies d'invasion de *B. dorsalis*



Hypothèses de sources d'invasion :

- Polynésie Fr. = l'Asie
- Madagascar et Mayotte = l'Afrique du Sud-Est
- Madagascar = Mayotte
- La Réunion ≠ Afrique
- Afrique = Asie

Hypothèses de scénarios d'invasion de l'Afrique qui pourraient être testés :



Etude de la variation intraspécifique : Conclusion

- Les données génomiques permettent de différencier 10 groupes génétiques chez *B. dorsalis*
- Les données génomiques permettent de renseigner sur l'origine des incursions européennes de *B. dorsalis* : Afrique de l'Ouest, Asie continentale, La Réunion



→ Ces données peuvent servir de référence pour donner l'origine géographique des individus d'incursions.

Validité de l'approche génomique

La stratégie RAD-seq et RAD-capture

→ Etude de marqueurs cibles dans le génome

✓ **Résultats inédits** sur la délimitation des espèces et le clade *B. dorsalis* s.l.

✓ **Résultats inédits** sur la structure géographique de *B. dorsalis* en Afrique

✓ **Assignment précise** des incursions à un statut spécifique et une origine géographique

Validité de l'approche génomique

La stratégie RAD-seq et RAD-capture

- Etude de marqueurs cibles dans le génome
- ✓ **Résultats inédits** sur la délimitation des espèces et le clade *B. dorsalis* s.l.
- ✓ **Résultats inédits** sur la structure géographique de *B. dorsalis* en Afrique
- ✓ **Assignment précise** des incursions à un statut spécifique et une origine géographique

La stratégie WGR

- Etude de l'ensemble du génome

2 études parues au cours du projet :

- *Echelle mondiale : Zhang et al. 2022*
- *Echelle régionale : Deschepper et al. 2023*

→ **Description des groupes génétiques et hypothèses d'invasion identiques**

Validité de l'approche génomique

L'échantillonnage : une limite aux approches NGS

Thèse (RAD-capture)

- 37 populations en Afrique
- 16 populations en Asie continentale
- Différenciation en Afrique plus fine

vs

Zhang et al. 2022 (WGR)

- 13 populations en Afrique
- 30 populations en Asie continentale
- Différenciation en Asie continentale plus fine

- Nécessité d'aller vers un effort d'échantillonnage plus important pour :
 - détecter une structuration plus fine chez *B. dorsalis*
 - mieux représenter et définir le complexe *B. dorsalis*

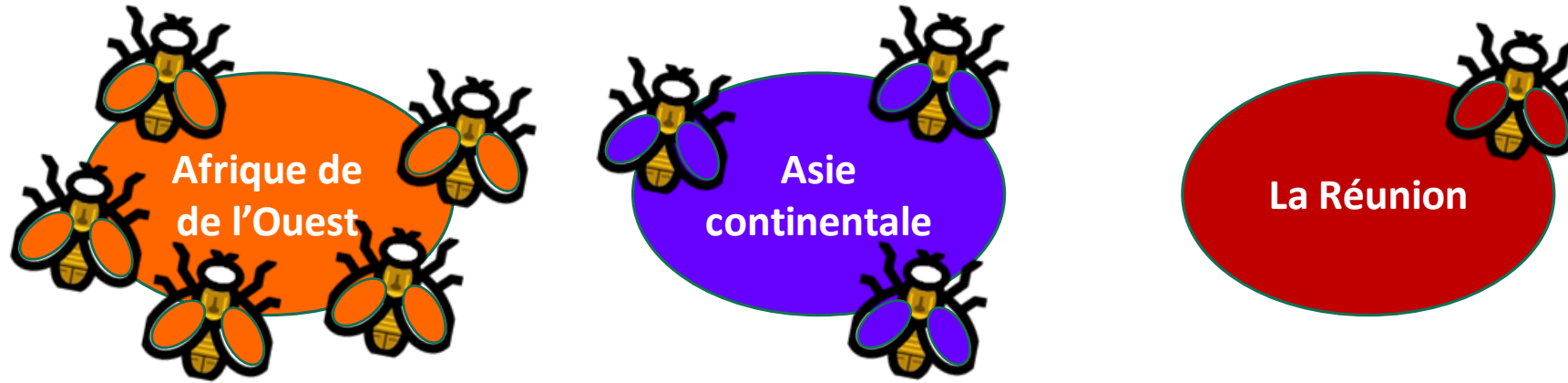
Perspectives des analyses génomiques

L'introgression : un facteur essentiel à considérer

L'introgression peut impacter les phylogénies qui font l'hypothèse nulle.

- Nécessité d'aller vers des méthodes qui acceptent/incluent de l'introgression pour :
 - valider la topologie inférée
 - mieux caractériser le complexe *B. dorsalis*
 - mieux caractériser les voies d'invasion de *B. dorsalis*

Implications pour la surveillance de *B. dorsalis*

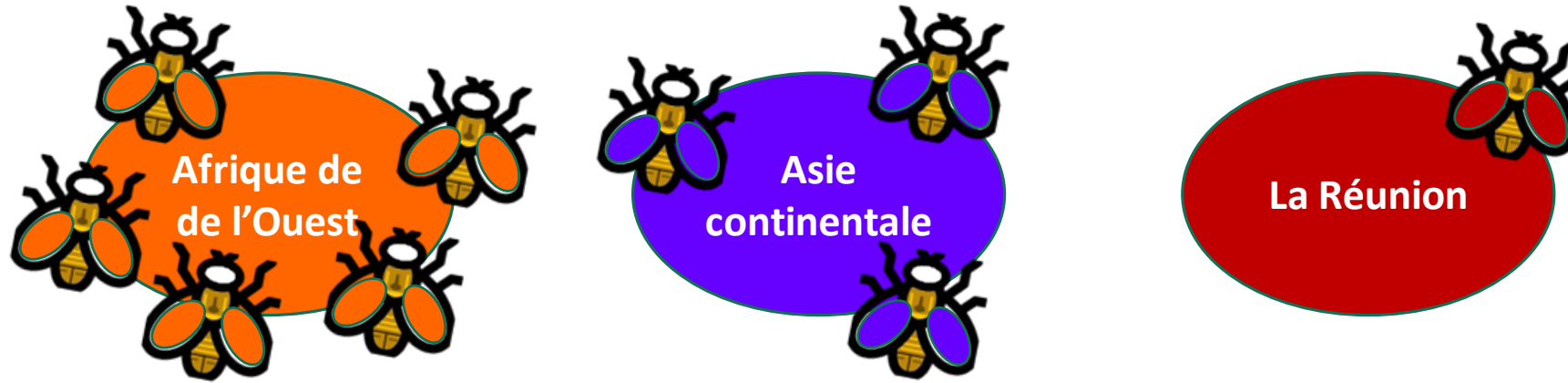


Des origines multiples parallèles aux importations de fruits (mangues, attiers, goyave)

→ Surveiller l'import de fruits via le commerce et le tourisme en provenance des régions suivantes :

- Afrique de l'Ouest : Sénégal, Mali, Cameroun, Côte d'Ivoire, Burkina Faso
- Asie continentale : Thaïlande, Vietnam, Inde, Bangladesh, Pakistan
- La Réunion

Implications pour la surveillance de *B. dorsalis*



Réévaluation de son statut

France : passage du statut de « incursions » au statut de « foyers d'invasion » (2024)

Si hypothèse de reproduction sur le territoire vraie → justification supplémentaire au changement de statut



→ Augmenter la surveillance des larves dans les fruits sur le territoire

Perspectives pour la surveillance de *B. dorsalis*

Création d'un outil de diagnostic

afin de réduire les coûts de manipulation, le niveau d'expertise requis et les délais d'information

➤ Diagnostic des espèces

- Pour faciliter l'**identification** des incursions et introductions, en France, en Europe et au-delà
- Pour faciliter l'identification des **larves** qui est encore plus difficile
- Pour surveiller l'arrivée d'**autres espèces** en Europe (*B. carambolae*, *B. kandiensis*)

➤ Diagnostic des origines géographiques

- Pour **informer plus rapidement sur les origines** des prochaines incursions européennes et autres incursions de *B. dorsalis* en Australie, ou aux Etats-Unis

Vers une réduction à quelques milliers de marqueurs qui implique toutefois des techniques de séquençage avec du multiplexage.

Merci de votre attention !



Merci de votre attention !

et merci à ...

mes encadrants



Marie-Pierre CHAPUIS



David OUVRARD

Merci de votre attention !

et merci à ... à celles et ceux qui ont contribué au projet

Laure BENOIT

Raphaël LEBLOIS

Andrea TADDEI

Enrique ORTEGA

Sabine NIDELET

Emmanuelle ARTIGE

Raphaëlle MOUTTET

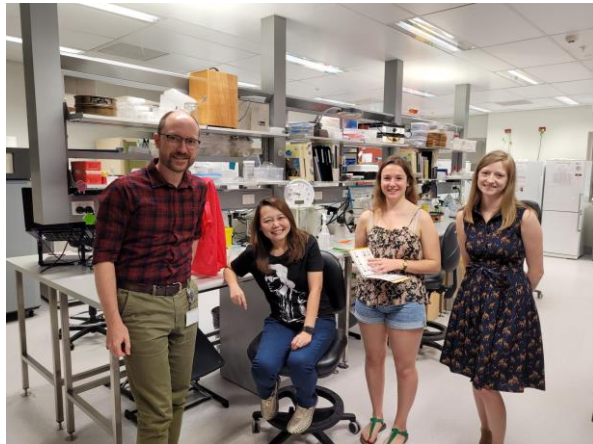
Sylvain PIRY

Et celles et ceux que j'oublie...

Merci de votre attention !

et merci à ... à celles et ceux qui ont contribué au projet

L'ensemble des collecteurs d'Afrique, d'Asie et d'ailleurs



Mark SCHUTZE & Mélissa STARKIE



Merci à tous !

Charbonnel Emeline



Sous la direction de Thierry LEFRANCOIS (CIRAD), Carine BROUAT (IRD)

Sous l'encadrement de Marie-Pierre CHAPUIS (CIRAD) et David OUVRARD (ANSES)