Petit Pois Déridé 2023

- Poitiers 03-05 juillet 2023-

000001

Une approche RAD-seq pour délimiter des espèces dans le complexe Bactrocera dorsalis (Diptera, Tephritidae).

Emeline Charbonnel*[1], David Ouvrard[2], Laure Benoit[1], Mark Schutze[3], Melissa Starkie[3], Andrea Taddei[2], Raphaëlle Mouttet[2], and Marie-Pierre Chapuis[1]

[1]Centre de Biologie pour la Gestion des Populations – Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement, Institut de Recherche pour le Développement, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement, Institut Agro Montpellier, Université de Montpellier – France

[2]ANSES, Laboratoire de la Santé des Végétaux – Ministère de l'alimentation de l'agriculture et de la pêche – France

[3]Queensland Department of Agriculture and Fisheries – Australie

Résumé

Les invasions biologiques augmentent de façon exponentielle et constituent une menace importante pour la biodiversité, les écosystèmes et l'agriculture. Les progrès du séquençage génomique offrent de nouvelles possibilités d'étudier les voies d'invasion, les mécanismes du succès de l'invasion et les dynamiques du processus de colonisation, afin de mieux gérer les risques d'introduction d'espèces exotiques envahissantes. Le complexe *Bactrocera dorsalis* (au moins 87 espèces) comporte 6 ravageurs 'invasifs' majeurs, notamment la mouche orientale des fruits, *B. dorsalis* sensu stricto. La délimitation de certaines espèces au sein de ce complexe est parfois mal établie et il a été démontré que certains taxons sympatriques s'hybrident entre eux. Dans ce cas, le potentiel de la génomique des invasions est limité par les confusions taxonomiques possibles entre les espèces attirées par le même leurre chimique utilisé pour le piégeage. Il est donc nécessaire de mieux comprendre la limite des espèces d'intérêt et d'identifier des marqueurs de diagnostic spécifiques. Dans cette étude, nous avons tout d'abord proposé un protocole impliquant à la fois la morphologie et des données moléculaires standardisées afin d'assigner nos spécimens à une des espèces du complexe. Nous avons ensuite optimisé un protocole de séquençage de l'ADN nucléaire associé à un site de restriction (RAD-Seq) pour générer des ensembles de données SNP précis et de grande taille. Ce protocole a été appliqué à 70 génomes (nucléaires et mitochondriaux) appartenant à 11 espèces attirées par le méthyl-eugénol, dont *B. dorsalis* s.s. En combinant des méthodologies avec ou sans partitionnement *a priori* (analyses de clustering et arbres phylogénétiques), nous avons délimité des groupes génétiques, diagnostiqué des spécimens et reconstruit les relations entre espèces. Ces nouvelles connaissances rendront les futures études de génomique des populations plus fiables et la surveillance des espèces envahissantes du complexe *B. dorsalis* plus efficace.

Mots-Clés: Complexe Bactrocera dorsalis, Phylogénie, BestRAD, Séquençage haut débit

*Intervenant