



HAL
open science

Impact biologique et génétique du chalcidien séminiphage invasif *M. rafni* sur les plantations de conifères en Europe

Bruno Vincent, Marie-Anne Auger-Rozenberg, Marie Tardy, Alain Roques

► **To cite this version:**

Bruno Vincent, Marie-Anne Auger-Rozenberg, Marie Tardy, Alain Roques. Impact biologique et génétique du chalcidien séminiphage invasif *M. rafni* sur les plantations de conifères en Europe. 2005, 2005. hal-02833711

HAL Id: hal-02833711

<https://hal.inrae.fr/hal-02833711v1>

Submitted on 7 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Introduction

En Europe, les graines de sapins sont fortement parasitées par des insectes séminiphages du genre *Megastigmus* qui provoquent des dégâts importants dans les processus de régénération naturelle des forêts. C'est le cas de *M. rafni* Hoffmeyer (Hymenoptera : Chalcidoidea) introduit récemment depuis l'Amérique du Nord. Cette espèce semble supplanter peu à peu les *Megastigmus* autochtones et s'attaque à toutes les espèces de sapins, autochtones ou introduites, sans que l'on sache encore si ses capacités invasives sont liées à des caractéristiques écologiques (taille de l'ovipositeur par exemple) et/ou génétiques particulières. Dans ce contexte, nous avons décidé d'évaluer le potentiel invasif de *M. rafni* en étudiant :

- 1 - La répartition géographique dans la zone d'introduction
- 2 - La variabilité morphologique liée à l'espèce d'hôte
- 3 - La structuration génétique

1 - Échantillonnage

Depuis son introduction en Grande-Bretagne vers les années 1950, *M. rafni* a vite été retrouvé dans les plantations de sapins nord-américains de ce pays, puis en Hollande et au Danemark. Ignoré en France jusqu'au début des années 1990, il est maintenant présent partout (Fig. 2) sur des espèces de sapins européennes (*Abies alba*, *A. pinsapo*, et *A. nordmanniana*) et sur des espèces de sapins introduites (principalement *A. grandis*).

Les insectes sont obtenus à partir de graines récoltées dans les sites. Les graines sont radiographiées à l'aide d'un appareil Faxitron-43855® et des films RX (Kodack® 'Industrex M') (Fig 1).



Fig 1 : radiographie d'une graine infestée (larve de l'insecte en blanc)

Les graines attaquées sont placées dans des boîtes d'élevage dans un abri extérieur. Après émergence, les insectes sont conservés dans l'alcool absolu à -20°C.

Tous les individus ont été identifiés morphologiquement avec une loupe Leica® MZ12 à l'aide de la clé d'identification de Roques & Skrzypczynska (2003).

- Sites d'émergence de *M. rafni* (1998-2005)
- 6 populations françaises étudiées en génétique

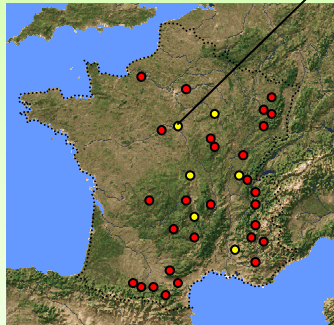


Fig 2 : carte d'échantillonnage des populations de *M. rafni*

2 - Étude morphométrique

480 femelles *M. rafni* avec leurs graines hôtes, issus de 9 espèces d'*Abies* de l'Arboretum des Barres : *A. bornmülleriana*, *A. cephalonica*, *A. cilicica*, *A. concolor*, *A. equitrojani*, *A. grandis*, *A. nordmanniana*, *A. numidica*, *A. pinsapo*, sont analysées.

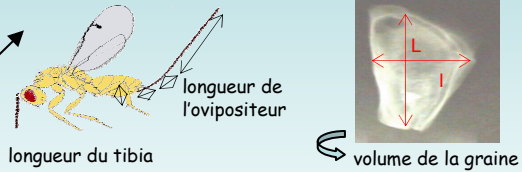


Fig 3 : Mesures des différents paramètres : longueur de l'ovipositeur, longueur du tibia de la patte 3 (isométrie avec la longueur du corps), longueur (L) et largeur (l) de la graine (Volume = (2/27)*π*L³).

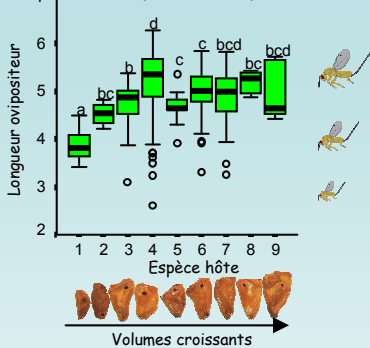
3 - Étude génétique

2 marqueurs moléculaires sont utilisés :

Une partie du gène mitochondrial codant pour le cytochrome b (Auger-Rozenberg *et al.*, 2005)

- ① 2 individus nord-américains (Californie et Oregon), 7 individus danois et 36 individus français.
- ② 6 loci microsatellites mis au point d'après Boivin *et al.*, 2003. 1 population de la zone d'origine et 8 populations de la zone d'introduction sont étudiées (6 françaises et 2 danoises)

4 - Résultats de l'étude morphométrique



- 1 *A. grandis* 2 *A. concolor* 3 *A. cephalonica* 4 *A. pinsapo*
- 5 *A. cilicica* 6 *A. equi trojani* 7 *A. nordmanniana* 8 *A. numidica*
- 9 *A. bornmülleriana*

Fig 4 : diversité de longueur des ovipositeurs par espèce hôte représentée par des boîtes à moustaches. Les boîtes à moustaches avec des lettres différentes, diffèrent significativement des autres ($p < 0,05$)

- L'espèce hôte a un impact sur la longueur de l'ovipositeur ($F = 10,211$; $p < 0,05$)
- Important polymorphisme de longueur des ovipositeurs

5 - Résultats de l'étude génétique

- ① Des fragments de 740 pb ont été obtenus. Après alignement des séquences, les distances génétiques obtenues en Kimura 2P montrent l'existence de 2 haplotypes distincts :

- 1 - 7 insectes danois quelque soit l'hôte ou la localité, 3 insectes français (Aisne, Cantal, Seine-Maritime)
- 2 - 2 insectes nord-américains et les autres spécimens français

Ces 2 groupes sont séparés par des distances génétiques de l'ordre de 3,5%, qui correspondent, pour le cyt. b à des valeurs intra-spécifiques élevées à la limite de l'interspécifique.

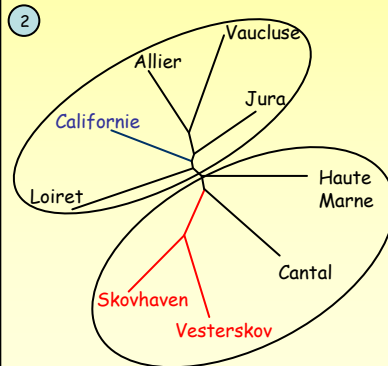


Fig. 5 : arbre des populations obtenu par Neighbor-Joining à partir des distances de Cavalli - Sforza et Edwards à l'aide du logiciel « Populations ». ($23 < \text{Valeurs de bootstrap} < 60$).

	Population de l'aire d'origine	Populations de l'aire d'introduction
Nb moyen allèles/locus	16,5	9,89
Hétérozygotie observée	0,67	0,66

↳ Léger effet fondateur

■ $F_{st} = 0,0519$ Faible structuration génétique

■ $1,02 < Nm < \text{infini}$ Nombreux flux de gènes

■ Absence d'isolement par la distance (Isolde, Genepop)

■ Présence de deux groupes (Fig. 5) :

- 1 - Populations danoises (Skovhaven et Vesterskov), 2 populations françaises (Cantal et Haute-Marne)
- 2 - La population Californienne et les autres populations françaises

6. Discussion - conclusion

- Le polymorphisme de longueur des ovipositeurs, principalement dû au polymorphisme de taille des graines, peut constituer un paramètre important dans l'adaptabilité de *M. rafni* à un grand nombre d'hôtes du genre *Abies*
- L'obtention d'une seule population de la zone d'origine est insuffisante et nécessitera un échantillonnage complémentaire de la côte Ouest Nord-Américaine
- La présence de 2 groupes (en mitochondrial et en nucléaire), ainsi que l'absence d'isolement par la distance favorise l'hypothèse d'introductions multiples
- La faible différenciation globale entre les populations, expliquée par des flux de gènes importants, indique une grande capacité invasive de l'insecte

Remerciements : les recherches ont été financées par le Ministère de l'Ecologie et du Développement Durable «Invasions de peuplements forestiers par des insectes séminiphages exotiques ». Merci également aux agents de l'ONF, du CRPF et du DSF qui nous ont aidés pour la récolte des graines.

Références : Auger-Rozenberg M.A. *et al.*, 2005, *Accepted to Systematic Entomol.*; Boivin S. *et al.*, 2003, *Mol Ecol Notes*, 3, 363-365; Roques A. & Skrzypczynska M., 2003, *Journal of Natural History*, 37, 127-238.