



HAL
open science

INRA-CSIRO Linkage proposal 2019 title: Harnessing genomic tools for risk assessment and sustainable management of the invasive fall armyworm *Spodoptera frugiperda*, a major new threat to agriculture and food security in the Old World and Australia. Project Report January 2020 Emmanuelle d'Alençon
Emmanuelle d'Alençon

► **To cite this version:**

Emmanuelle d'Alençon. INRA-CSIRO Linkage proposal 2019 title: Harnessing genomic tools for risk assessment and sustainable management of the invasive fall armyworm *Spodoptera frugiperda*, a major new threat to agriculture and food security in the Old World and Australia. Project Report January 2020 Emmanuelle d'Alençon. DGIMI INRAE. 2020. hal-04130852

HAL Id: hal-04130852

<https://hal.inrae.fr/hal-04130852>

Submitted on 16 Jun 2023

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.

Titre de la réponse à l'appel d'offre pour collaboration INRAE-CSIRO 2019:

Exploiter les outils génomiques pour l'évaluation des risques et la gestion durable de la légionnaire invasive d'automne *Spodoptera frugiperda*, une nouvelle menace majeure pour l'agriculture et la sécurité alimentaire dans l'ancien Monde et en Australie.

Rapport Janvier 2020

Emmanuelle d'Alençon

Contexte

S. frugiperda (ou Fall armyworm FAW), une Noctuelle polyphage attaquant des cultures de base pour l'homme (maïs, riz, sorgho, soja, canne à sucre) était initialement présent sur le continent Américain et les Caraïbes. Depuis 2016, il est devenu un ravageur à l'échelle mondiale puisqu'il a envahi d'abord l'Afrique Sub-Saharienne puis l'Inde, et en 2019 la Chine, Corée, Japon jusqu'au Philippines, la Thaïlande le Vietnam, la Malaisie et l'Indonésie ainsi que l'Egypte, menaçant d'envahir l'Australie et l'Europe. Depuis les années 2000 le laboratoire DGIMI développe des ressources génomiques sur cet insecte pour comprendre l'interaction avec les plantes-hôtes, pathogènes et parasites à des fins de lutte biologique. CSIRO Canberra a développé des ressources génomiques sur une autre Noctuelle *Helicoverpa armigera*, qui est devenue invasive en Amérique.

Enjeux du projet

Enjeux scientifiques

1) Caractériser la diversité génétique des populations invasives et natives afin d'identifier les populations à l'origine de l'invasion 2) Caractériser le potentiel adaptatif des populations invasives dans leurs nouveaux environnements.

Ceci nécessitait la mise en place d'un réseau de collecte à l'échelle mondiale et des analyses de génomique des populations à l'échelle des génomes mitochondriaux et nucléaires, les premières publications n'étant basées que sur un seul marqueur mitochondrial ou nucléaire qui s'avèrent être très peu informatifs.

Enjeux stratégiques

1) Garder le leadership de l'INRAE en génomique de *Spodoptera* après avoir publié les génomes de référence des deux variants de plante hôte de *Spodoptera frugiperda* en 2017 2) Renforcer notre force de frappe scientifique en réactivant la collaboration avec nos collègues CSIRO qui ont une expertise en génomique de l'invasion d'une autre Noctuelle polyphage *Helicoverpa armigera* 3) Se positionner à l'échelle mondiale sur le thème de la biologie de l'invasion de cet insecte (par rapport à la FAO et la CAAS en Chine en particulier) par des publications.

Actions financées ou cofinancées dans le cadre du projet

-Invitation de Tom Walsh et Wee Tek Tay en temps qu'orateurs au colloque international EFOR/ADALEP 2019 à Paris (Organisation d'Alençon, soutien INRAE SPE) et leur accueil pour des séminaires et une réunion de travail à DGIMI à Montpellier avec Kiwoong Nam, Nicolas Nègre et Emmanuelle d'Alençon, participation d'Anne-Nathalie Volkoff (programme détaillé en annexe 1 & 2).

-Visite conjointe CSIRO-INRAE (Kiwoong Nam, Nicolas Nègre, Emmanuelle d'Alençon, Wee Tek Tay, Tom Walsh) en Chine à la CAAS (AGIS Shenzhen <http://agis.caas.cn/en/>) en Juillet 2019 (programme détaillé en annexe 3).

-Accueil à DGIMI de Karl Gordon et de Wee Tek Tay les 11 et 12 Septembre 2019 pour réunion de travail avec Nicolas Nègre, Kiwoong Nam et Emmanuelle d'Alençon

-Visite au CSIRO Canberra de Kiwoong Nam et Emmanuelle d'Alençon pour deux séminaires (devant CSIRO, Université de Canberra, Département d'Agriculture de l'état de NSW) et une réunion de travail au CSIRO avec Wee Tek Tay, Karl Gordon, Tom Walsh, John Oakeshott, (programme détaillé en annexe 4).

Retombées à court et moyen terme

-partage de données

Un premier échange par visio conférence le 15 février 2019 a permis de jeter les bases de la collaboration par un partage de données et la rédaction d'un MTA.

En effet le CSIRO et l'INRAE ont des échantillons de populations naturelles de FAW sur des zones géographiques complémentaires grâce à des réseaux de collectes différents (via le National Crops Resources Research Institute (NaCRRI) Ouganda pour le CSIRO, via le CIRAD pour l'INRAE)

Nous avons décidé de mettre en commun sur serveur CSIRO la version v7 du génome de FAW (assemblage chromosomique fait par l'INRAE) et les données de reséquençage des échantillons (en vert de l'INRAE, en bleu du CSIRO). Ces données de reséquençage ont été financés par des fonds propres du CSIRO et le projet EUPHRESCO financé par l'INRAE.

Samples

Native

Mississippi
Florida
Puerto Rico
Brazil
Peru
Mexico
Guadeloupe
French Guyana

Invasive

Uganda
Malawi
Tanzania
Benin
India
China (1)

-résultats scientifiques et publications en préparation

Nous avons décidé d'explorer deux questions scientifiques, devant donner lieu à deux articles

1) Caractériser la diversité génétique des populations invasives et natives afin d'identifier les populations à l'origine de l'invasion

Ceci fait l'objet d'un article en préparation porté par CSIRO (INRAE partenaire) s'appuyant sur le traitement des données de reséquençage de l'ADN mitochondrial des populations naturelles.

Les premiers résultats montrent la présence des ADN mitochondriaux des deux variants dans les populations invasives qui semblent provenir de multiples introductions ce qui contredit l'hypothèse que l'invasion aurait commencé en Afrique pour aller ensuite en Asie. Ce travail a fait l'objet d'une présentation en congrès en 2019 (annexe 5)

Nos collègues du CSIRO ont souhaité adjoindre dans l'article 1 un sous ensemble de 800 SNP extraits de 2 pour compléter leur analyse, nous devons veiller à éviter un recouvrement potentiel des deux articles 1 & 2.

2) Caractériser le potentiel adaptatif des populations invasives dans leurs nouveaux environnements.

Ceci fait l'objet d'un article en préparation porté par l'INRAE (CSIRO partenaire) s'appuyant sur le traitement des données de reséquençage de l'ADN nucléaire des populations naturelles.

Les premiers résultats de l'analyse des génomes nucléaires montrent que des populations hybrides entre les deux variants se seraient déjà formées dans l'aire de distribution initiale et seraient à l'origine des invasions.

3) Publications en lien avec la visite en Chine (AGIS Agricultural Genomics Institute at Shenzhen, Chinese agricultural academy of science, CAAS, <http://agis.caas.cn/en/>)

La Chine ayant été envahie en 2019 par FAW, nous avons appris que le groupe de Yutao Xiao était impliqué dans l'analyse génomique des FAW en Chine, le responsable du programme FAW invasif en Chine étant Kongming Wu (Institut de protection des plantes CAAS Pekin) chez lequel Yutao a effectué son post-doctorat. Nous avons décidé d'aller rencontrer Yutao Xiao en proposant à nos collègues du CSIRO de se joindre à nous afin d'explorer la possibilité de coopération INRAE-CSIRO-CAAS. Yutao Xiao a souhaité l'exclusivité de la collaboration ne voulant pas associer d'autres laboratoires chinois. Nos collègues du CSIRO ayant une collaboration antérieure avec une autre groupe chinois (Yidong Wu, Nanjing Agricultural University), nous n'avons pas pu construire de collaboration tri partite. Nous avons aidé le groupe de Yutao à comprendre la composition génétique des populations invasives en Chine, ce qui nous vaut d'être associé à son article. Nous avons décidé de co-soumettre dans le même journal deux articles^{1, 2} sur la résistance aux insecticides dans les populations natives et invasives en Chine portés respectivement par l'INRAE et la CAAS (premier essai dans Nat Ecology Evolution, actuellement soumis à Nature Communications). Nous ne partagerons pas nos données génomiques sur avec Yidong Wu et le CSIRO ne partagera pas ses données génomiques sur FAW avec Yutao Xiao. En plus de celle sur FAW, des collaborations sur d'autres thèmes ou modèles sont également envisagées entre CAAS et INRAE DGIMI notamment sur la génomique comparative avec *Spodoptera littoralis*.

1) doi: <https://doi.org/10.1101/812958>

2) doi: <https://doi.org/10.1101/813154>

-demandes de financement

Les données de reséquencage ont été financés par des fonds propres du CSIRO et le projet EUPHRESCO financé par l'INRAE. La poursuite de la collaboration nécessite un soutien financier qui est difficile à obtenir tant que l'insecte n'est pas arrivé en Australie et/ou en Europe.

Un projet SPE intitulé « Identification of adaptation process associated with global invasions in the fall armyworm » incluant Wee Tek Tay parmi les partenaires a été déposé en septembre 2019 par mon collègue Kiwoong Nam (résultat en attente).

J'ai pour ma part proposé lors de la journée thématique topics H2020 le 13 janvier 2019 à Paris devant les trois directions scientifiques de l'INRAE un projet H2020 sur le thème des risques émergents pour la santé des plantes pour explorer les routes d'invasion de FAW et de *S. littoralis*, leurs potentiels d'adaptation aux plantes, aux insecticides et au changement climatique, et pour développer des moyens de luttés innovants. Je prévoyais d'y inclure nos partenaires australiens. Je n'ai pas obtenu le soutien d'INRAE transfert bien que je sois soutenue dans cette démarche par ma directrice de laboratoire et mon directeur de Département SPE.

-Autres prolongements

Lors de la visite de nos collègues du CSIRO en Mai nous avons visité l'antenne européenne du CSIRO de Montpellier dans laquelle des moyens de lutte biologique contre des espèces invasives en Australie sont testés. En septembre 2019 lors de la visite de nos collègues CSIRO, nous avons reçu à DGIMI Vincent Lesieur (supagro-CSIRO) qui nous a présenté ses travaux au CSIRO Montpellier. Le 17 septembre, Andy Sheppard (CSIRO) qui en est le directeur est venu donner au CBGP une présentation sur les travaux qui y sont développés. Nous (A. N. Volkoff et moi) l'avons invité à visiter DGIMI. En effet au cas où l'Australie soit envahie par FAW des recherches en collaboration avec l'INRAE pour lutter contre cet insecte pourront être poursuivies. Andy Sheppard viendra au Printemps à DGIMI.

Suite à note visite en Chine avec nos collègues du CSIRO, nous envisageons d'inviter Yutao Xiao à DGIMI car la Chine s'engage dans de gros programmes de recherches sur FAW du fait de la pérenité de l'invasion et nous espérons développer les collaborations avec ce groupe qui réalise un travail très sérieux et est ouvert à la collaboration.

Annexe 1. Program of visit to Paris (ADALEP workshop) and to INRAE DGIMI Montpellier by CSIRO

May 2019		Time		Place
Week-end 4-5th		Arrival	Vincent Jourdain	
Monday 6th	8:45 am to 7 pm	EFOR Day 1	Vincent Jourdain	Paris
Tuesday 7 th	9:15 am to 6:10 pm	EFOR/ADALEP		Paris
	7:07 pm to 22:16pm	Taxi to gare de Lyon plus TGV to Montpellier		Arrival at Mo
Wednesday 8 th		Public Holiday		Montpellier
	at 11:30 am,	departure to visit the fishing place Le Grau du Roi		
	afternoon	Visit of the citadelle of Aigues-Mortes		
Thursday 9th	at 9:30 am	Visit of DGIMI & Sf rearing place		Montpellier
	at 11 am	Seminar to DGIMI (Wee Tek, Marty's room)		Montpellier
	at 12:30	Lunch at University		Montpellier
	from 2 to 5 pm	Presentation of Kiwoong (Marty's room)	K. Nam	Montpellier
		Data discussion		Montpellier
Friday 10th	09:30	Coffee		Montpellier
		Project discussion : Funding and scientific content		Montpellier
		Funding: Euphresco, H2020, others in Australia?	A. N Volkoff, E. d'Alençon	Montpellier
		Positioning at FAO		Montpellier
		other possibilities of co-application		Montpellier
	at 12:30	Lunch at University		Montpellier
	at 2 pm	Next steps of collaboration		Montpellier
Saturday 11th		Free visit of Montpellier city		Montpellier
Sunday 12th		Departure		
Adresses				
Hôtel: Hotel Sophie Germain [Paris 14ème] ***				
Adresse:				
12 rue Sophie Germain				
75014 Paris				
FIAP JEAN MONNET				
30 rue Cabanis				
75014 PARIS				
Hôtel Kyriad Montpellier Antigone				
adresse				
890 Avenue Jean Mermoz, 34000 Montpellier•04 67 64 88 50				

Annexe 2

Scientific program of the workshop ADALEP May 7th 2019 in Paris (presentations of CSIRO in Bold)

08H45// REGISTRATION AND SPONSORS BOOTH

09H20 // INTRODUCTION BY THE ORGANIZERS

MORNING

09h30 James WALTERS (*Univ. of Kansas, Lawrence, USA*)

Sexy scaffolds: full chromosome assemblies and Z chromosome analysis in codling moth and monarch butterfly

10h00 Jérémy GAUTHIER (*IRISA Rennes/MNHN, Paris, France*) - Contrasted phenotypic and genomic outcomes of hybridization between population pairs of two mimetic butterfly species

10H20 // COFFEE BREAK AND SPONSORS BOOTH (HALL)

11h00 Clément GILBERT (*CNRS UMR 9191 - EGCE, Gif sur Yvette, France*)

Horizontal transfer of transposable elements in insects

11h30 Francesco PENNACCHIO (*Univ. of Napoli Federico II, Portici, Italy*)

Host-parasitoid molecular interactions and bioinspired strategies of insect control

12h00 Romain BENOIST (*CNRS UMR 9191 - EGCE, Gif-sur-Yvette, France*)

Genetic dissection of reproductive success traits of the parasitoid *C. typhae*

12h20 Jean-Michel DREZEN (*IRBI, Tours, France*)

Parasitoid wasps and their endogenous viruses: potential conflict in ancient couples

12H40 // LUNCH (CAFETERIA) AND SPONSORS BOOTH (HALL)

AFTERNOON

14h00 Tom WALSH (*CSIRO Land & Water, Canberra, Australia*) **The mega pest, *Helicoverpa armigera*: Bt resistance management, mechanisms, population genetics and genomics**

14h30 Wee Tek TAY (*CSIRO Health & Biosecurity, Canberra, Australia*)

Out of Africa? Genetic diversity to understand the global spread of FAW

15h00 Kiwoong NAM (*DGIMI, Montpellier, France*)

Adaptation and speciation processes in the Fall armyworm

15h20 Mathieu JORON (*CEFE, Montpellier, France*)

Dissecting balancing selection: is mimicry polymorphism maintained by deleterious mutations ?

15H40 // COFFEE BREAK AND SPONSORS BOOTH (HALL)

16h40 Erik DOPMAN (*Tufts Univ., Boston, USA*)

Genomic basis and evolution of circannual rhythm in the European corn borer moth

17h10 Nicolas NEGRE (*DGIMI, Montpellier, France*)

Immune response of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) to infection by different entomopathogenic organisms

17h30 Antoine GUIGUET (*IRBI, Tours, France*)

Identify candidate genes involved in gall induction in micromoth using transcriptomics

17h50 Frédérique HILLIOU (*ISA, INRA, France*)

SATQPCR: website for statistical analysis of real-time quantitative PCR data

18H10// END OF THE DAY

Annexe 3

Program of Visit of CAAS Shenzhen China by CSIRO and INRA

Date	Time	Program	Comments
9 Jul.	16:00 21:30	Arrival: Lo Wu (Luohu) port (time: 16:00) Shenzhen Bao'an International Airport (Flight: CZ3154, time: 21:30)	16:00 Pick Dr. Tom Walsh and Dr. Wee Tek Tay up from Lo Wu (Luohu) port. 21:30 Pick Dr. Emmanuelle d'ALENCON, Dr. Nicolas Nègre and Dr. Ki-Woong NAAM up from the airport.
10 Jul.	09:30-11:45	Presentation: Dr. Tom Walsh (30min) Dr. Wee Tek Tay (30min) Dr. Emmanuelle d'ALENCON (30min)	Audience: Researchers and students
	12:00-14:00	Business lunch and break	Institute cafeteria and guest house
	14:00-15:45	Presentation: Dr. Nicolas Nègre (30min) Dr. Ki-Woong NAAM (45min)	Audience: Researchers and students
	16:00-18:00	Project discussion	Dr. Yutao Xiao, Dr. Wei Fan, Dr. Fanghao Wan and other group members
	18:30-20:00	Dinner	A restaurant near Jiazhaoye Square
11 Jul.	09:30-12:00	Project discussion	Dr. Yutao Xiao, Dr. Wei Fan, Dr. Fanghao Wan and other group members
	12:00-14:00	Business lunch and break	Institute cafeteria and guest house
	14:00-17:00	Tour in the institute and field study center Sightseeing around the institute	
	17:30-19:30	Dinner	A restaurant near the sea
	20:00	Departure: Lo Wu (Luohu) port	Send Dr. Tom Walsh and Dr. Wee Tek Tay to Lo Wu (Luohu) port.
12 Jul.	09:30-12:00	Sightseeing	
	16:45	Departure: Shenzhen Bao'an International Airport (Flight: CZ3625)	Send Dr. Emmanuelle d'ALENCON, Dr. Nicolas Nègre and Dr. Ki-Woong NAAM to the airport.

Annexe 4

Program of visit of CSIRO Canberra by INRA

Day	Activities	Participants
<u>4th Dec (Wednesday)</u> 22:35pm	Pick up from CBR airport to hotel	Wee Tek Tay
<u>5th-Dec (Thursday)</u> 9:30 10:15 11:45 14:00 17:00 18:00	Meet at Black Mountain, General tour of lab Introduction to CSIRO genomics research by Amanda Padovan (CSIRO Land & Water, Black Mountain) John Oakshott (CSIRO Land & Water, Black Mountain) Sharon Downes (CSIRO Agriculture & Food, Armidale) Lunch at University FAW CSIRO Data sharing by Videoconference with Rahul Vivek Rane (Post-doc, University of Melbourne) Hotel Dinner	Tom Walsh/ Wee Tek Tay
<u>6th-Dec (Friday)</u> 9:30 11:45 13: 00 14: 00 15:00 17:00 18:00 21:30	FAW INRA Data sharing by Kiwoong Nam Lunch at CSIRO cafeteria Presentation by Emmanuelle d'Alençon Integrative study of adaptation and speciation in the genus Spodoptera Presentation by Kiwoong Nam Adaptation and speciation processes in the fall armyworm FAW papers in prep. discussion Hotel Dinner Kiwoong Nam to the airport	Tom Walsh/ Wee Tek Tay Wee Tek Tay
<u>7th-Dec (Saturday)</u>	Departure Emmanuelle d'Alençon	

Abstract Meeting 3-6 September 2019, Poznań, Poland

2019 Annual Meeting of the International Pest Risk Research Group. "Globalization and pest invasions: emerging risks and vulnerabilities"

<https://pestrisk.org/iprrg-2019/>

East meets West or Out of Africa? Genomic evidence and trade data to understand pest risks and globalization of *Spodoptera frugiperda*

Wee Tek Tay¹, Daniele Kunz¹, Thomas Walsh¹, Samia Elfekih², Sharon Downes³, Amanda Padovan¹, Darren Kriticos¹, Kiwoong Nam⁴, Emmanuelle d'Alençon⁴, Nicolas Nègre⁴, Yidong Wu⁵, Jianpeng Zhang⁵, Cecilia Czapak⁶, Michael Otim⁷, Karl Gordon¹

1. CSIRO Black Mountain Laboratories, Clunies Ross Street, ACT 2601, Australia
2. CSIRO Australian Animal Health Laboratory, Geelong, VIC 3220, Australia
3. CSIRO Agriculture and Food, Chiswick Site, New England Highway, Armidale NSW 2350, Australia
4. Equipe Epigénétique, Holocentrisme et Adaptation, Laboratoire DGIMI "Diversité, Génomes & Interactions Microorganismes-Insectes", UMR1333-INRA UM, Université Montpellier, Bât 24, 4ème étage, Case courrier 101, Place Eugène Bataillon, 34095 Montpellier cedex 5, France
5. College of Plant Protection, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China.
6. Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia, Goiânia, GO, 75804-020, Brazil
7. National Crops Resources Research Institute, Namulonge, Kampala, Uganda

Abstract

Accurate genomic knowledge can be used to understand and predict global spread patterns of invasive pests. A case in point is the current high-profile global detections of the invasive noctuid moth fall armyworm (FAW) *Spodoptera frugiperda* that included both corn-preferred and rice-preferred pest species complex. Since first reported in 2016 in West Africa, FAW has now been detected in at least 60 countries, including all of sub-Saharan Africa, and parts of the Middle East and Asia. A current theory for the spread of this pest species might be termed the 'out of Africa' hypothesis; wherein African populations spread eastwards to the Middle-East, Asia and South East Asia in a stepping-stone manner via natural dispersal. The chronological order of reported detections, while patchy, is largely congruent with this hypothesis. However, genomic evidence has largely been lacking from these globally diverse populations for testing of this hypothesis and to identify potential origins of native populations. Here, we present findings on genomic signatures of both corn- and rice-preferred FAW populations from across their native and invasive ranges, incorporating data from global agricultural and horticultural trade patterns, to understand the role of globalization in the spread of FAW. We show that the spread of FAW has a strong link to trade pathways, with implications for biosecurity interventions for managing the spread of FAW and similar pests. We demonstrate how genomic evidence has an important role to play in revealing spread patterns for pests, and hence understanding emerging pest pathway risks.

Annexe 5 articles en préparation ou soumis

CSIRO-INRA:

1) Genetic diversity of FAW and invasion routes , in prep.

Porté par CSIRO, INRA est partenaire

2) Genomic signatures of adaptation in invasive populations of FAW, in prep.

Porté par INRA, CSIRO est partenaire

CAAS-INRA : Co-soumis à Nat Communications avec la CAAS

3) Adaptation by copy number variation increases insecticide resistance in fall armyworms

Kiwoong Nam, Sylvie Gimenez, Frederique Hilliou, Carlos A. Blanco, Sabine Hänniger, Anthony Bretaudeau, Fabrice Legeai, **Nicolas Nègre**, **Emmanuelle d'Alençon**

doi: <https://doi.org/10.1101/812958>

4) High-depth resequencing reveals hybrid population and insecticide resistance characteristics of fall armyworm (*Spodoptera frugiperda*) invading China

Lei Zhang, Bo Liu, Weigang Zheng, Conghui Liu, Dandan Zhang, Shengyuan Zhao, Pengjun Xu, Kenneth Wilson, Amy Withers, Christopher M. Jones, Judith A. Smith, Gilson Chipabika, Donald L. Kachigamba, **Kiwoong Nam**, **Emmanuelle d'Alençon**, Bei Liu, Xinyue Liang, Minghui Jin, Chao Wu, Swapan Chakrabarty, Xianming Yang, Yuying Jiang, Jie Liu, Xiaolin Liu, Weipeng Quan, Guirong Wang, Wei Fan, Wanqiang Qian, Kongming Wu, Yutao Xiao

doi: <https://doi.org/10.1101/813154>