

Structure génétique des parasitoïdes de la tordeuse : Y a-t-il des barrières à leur dispersion au Québec?

Simon Legault et Patrick M. A. James
Département de sciences biologiques, Université de Montréal

Introduction

La fragmentation de l'habitat par les activités humaines peut diminuer la persistance d'espèces à faible dispersion [1]. Les ennemis naturels des insectes ravageurs tels que les parasitoïdes présentent souvent des capacités de dispersion moindre que leurs hôtes [2]. La tordeuse des bourgeons de l'épinette (TBE) est un ravageur indigène dont les épidémies cycliques frappent les forêts de sapins et d'épinettes à tous les 30-40 ans [3].

Les capacités de dispersion des parasitoïdes attaquant la TBE sont inconnues, ce qui limite notre compréhension de la dynamique cyclique de ce système multi-trophique.

Objectif et hypothèses

Notre objectif est de caractériser la structure spatiale des populations de parasitoïdes de la TBE au afin d'identifier les barrières potentielles au flux génique. Nous avons choisi comme modèles deux espèces communes de guêpes parasitoïdes : *Apanteles fumiferanae* et *Glypta fumiferanae* (Figure 1).

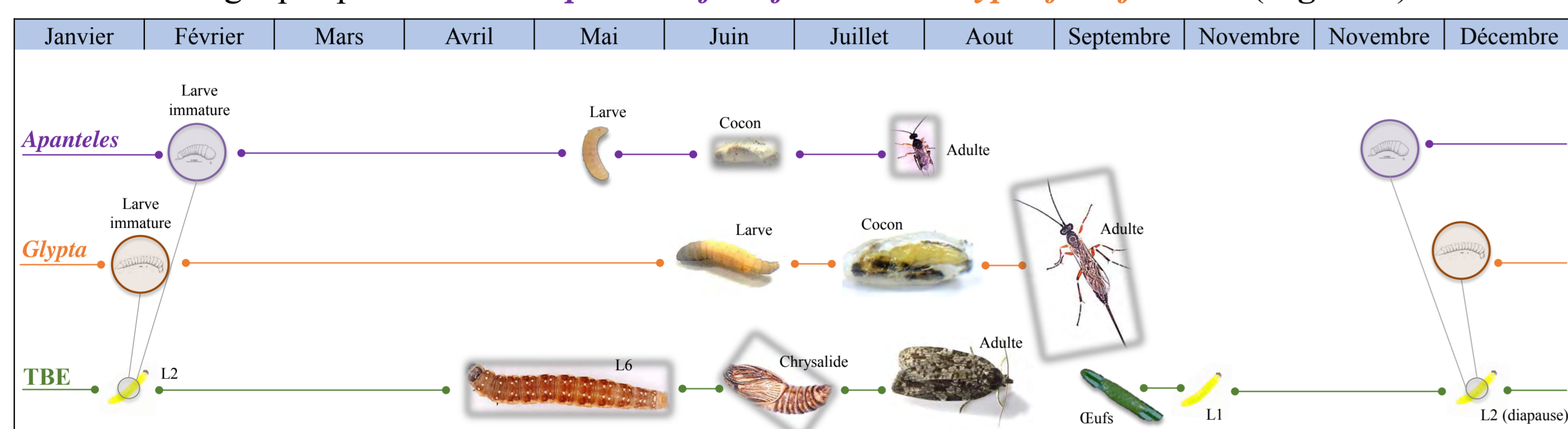


Figure 1 : Cycles de vie et phénologies approximatives de la TBE et des parasitoïdes *Apanteles fumiferanae* et *Glypta fumiferanae*.

La structure génétique des population de parasitoïdes pourrait dépendre (i) de la fréquence et de l'amplitude des variations démographiques; (ii) de leurs capacités de dispersion et (iii) de la période d'échantillonnage par rapport au cycle épidémique de la TBE (Figure 2).

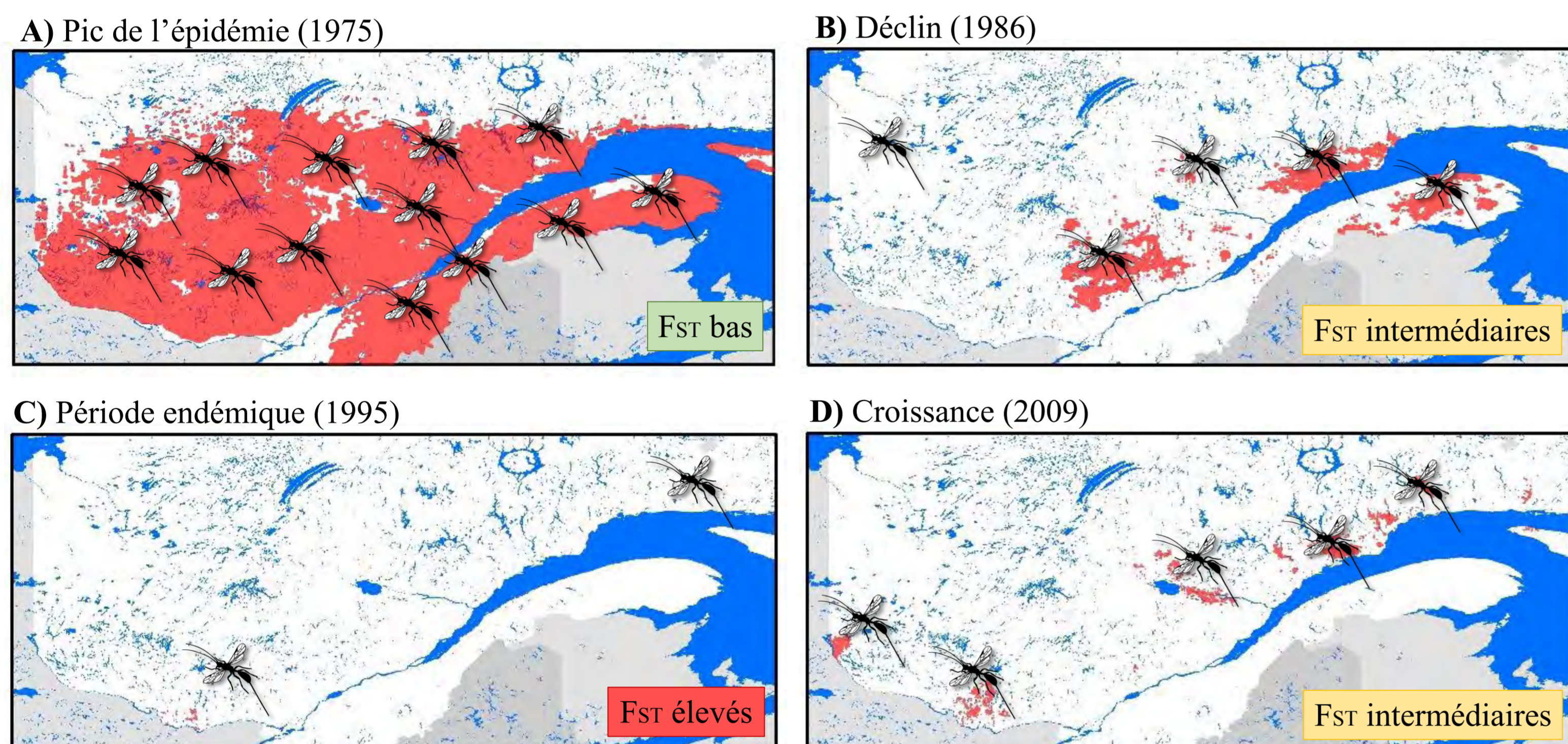


Figure 2 : Historique de la défoliation par la TBE au Québec et hypothèses concernant la structure génétique (FST) des parasitoïdes [4]. A) Pic de la dernière grande épidémie; B) déclin; C) période endémique et D) croissance de l'épidémie actuelle. Les données de défoliation sont fournies par le MFFP du Québec.

Échantillonnage

Pour chacune des espèces, nous avons élevé des centaines de femelles parasitoïdes à partir de larves de TBE récoltées à 28 sites répartis dans 6 zones défoliées au Québec en 2014 (Figure 3).

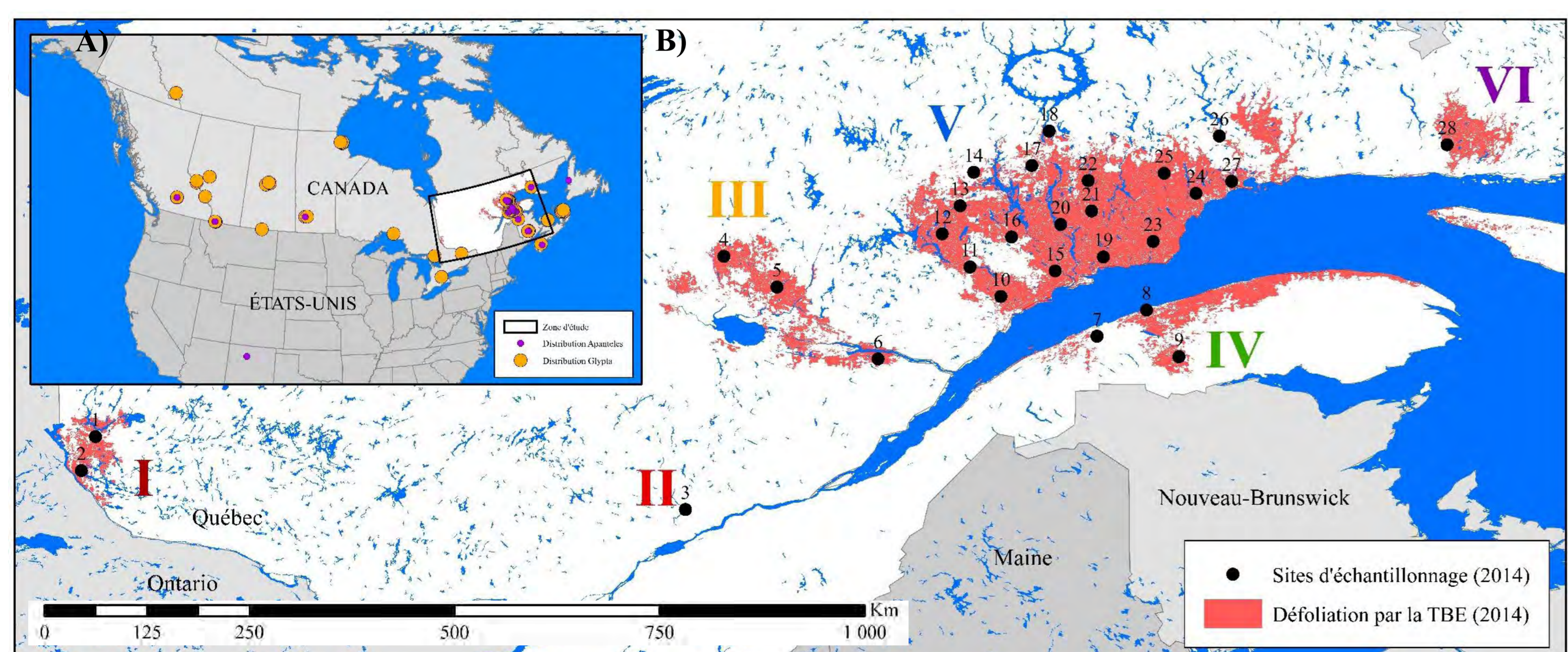


Figure 3 : A) Zone d'étude et aire de répartition approximative des parasitoïdes. B) Localisation des zones défoliées par la TBE et des sites échantillonnés en 2014. Les données de défoliation sont fournies par le MFFP du Québec.

Analyses génétiques

Nous avons utilisé une approche de génotypage par séquençage de l'ADN total des femelles afin d'identifier plus de 1000 marqueurs à polymorphisme nonnucléotidique (SNP) par espèce (Tableau 1).

Tableau 1: Pour chaque espèce est indiqué le nombre de femelles séquencées, le nombre de SNP identifiés, le nombre de SNP en déséquilibre de Hardy-Weinberg (HWD), le nombre de SNP en déséquilibre de liaison (LD) et la taille de la matrice finale.

| Espèce | N ♀ séquencées | N SNP initial | N HWD | N LD | N ♀ / N SNP final |
|------------------|----------------|---------------|-------|----------|-------------------|
| <i>Apanteles</i> | 284 | 1266 | 89 | 2 paires | 265 / 1266 |
| <i>Glypta</i> | 384 | 1474 | 0 | 0 | 381 / 1474 |

Nous avons ensuite effectué des analyses en composantes principales (ACP), des analyses de variance moléculaire (AMOVA) et des modèles d'isolement par la distance (IBD).

Résultats

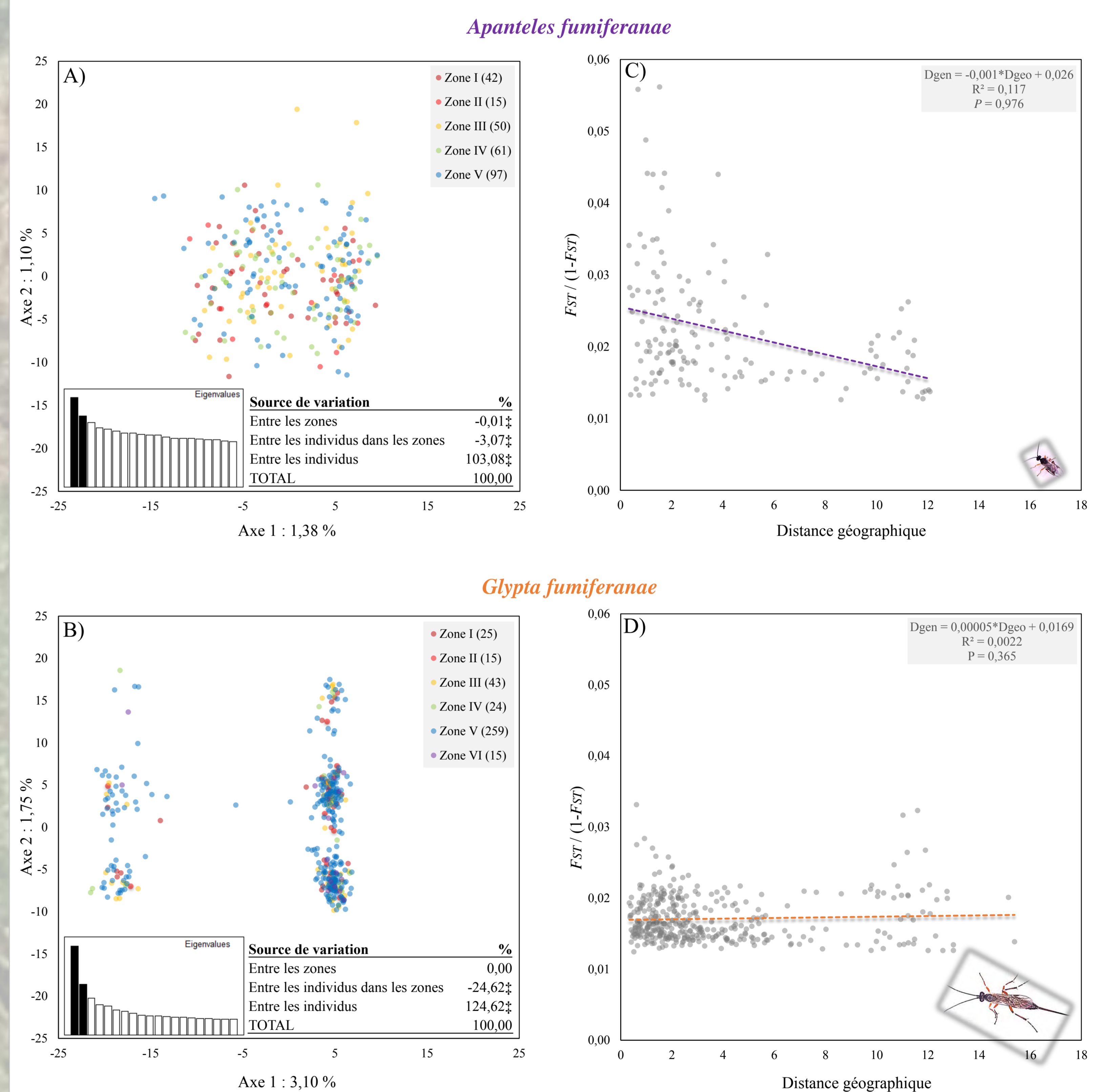


Figure 5 : A et B) Résultats des ACP et des AMOVA pour *Apanteles fumiferanae* et *Glypta fumiferanae*. Les groupes correspondent aux zones défoliées par la TBE. C et D) Résultats des modèles d'IBD pour *Apanteles fumiferanae* et *Glypta fumiferanae*. Les distances génétiques et géographiques ont été calculées entre les paires de sites d'échantillonnage.

‡ Un pourcentage négatif doit être interprété comme étant égal à 0 et un pourcentage supérieur à 100 comme étant égal à 100 [5].

Discussion

Nos résultats semblent indiquer que les flux géniques sont très importants à l'échelle de notre zone d'étude. L'absence de structure génétique suggère (i) de fortes capacités de dispersion pour ces parasitoïdes et/ou (ii) des effectifs relativement importants, même pendant les périodes endémiques [6].

En conséquence, nous avançons qu'il existe très peu de barrières géographiques au flux génique pour ces parasitoïdes de la TBE et que l'aménagement de la forêt pourrait avoir peu d'impacts sur leur persistance à long terme et la potentielle expansion de leur aire de répartition géographique vers le nord en réponse au réchauffement climatique [7].

Références:

- [1] Thomas, CD (2000). *Proc. R. Soc. Lond. B* 267, 139-145. [2] Cronin, JT et JD Reeve (2005). *Proc. R. Soc. B* 272, 2225-2235. [3] Nealis, VG (2015). *The Canadian Entomologist*, 1-25. [4] James, PMA, B Cooke et al (2015). *Molecular Ecology* 24, 296-309. [5] Long, JC (1986). *Genetics* 112, 629-647. [6] Miller, CA et TR Renault (1976). *The Canadian Entomologist* 108, 1045-1052. [7] Pureswaran, DS et al (2015). *Ecology* 96, 1480-1491.