

Profil des espèces et populations du complexe de la mouche des semis dans l'oignon, le maïs et le soya au Québec

Jade Savage et Anne-Marie Fortier

No de projet : IA119539

Durée : 03/2020 – 09/2023

FAITS SAILLANTS

Les espèces de mouches *Delia* appartenant au complexe de la mouche des semis (CMS) sont des ravageurs généralistes dont les larves peuvent causer des dommages considérables à plusieurs espèces de plantes cultivées. Comme les trois espèces du CMS présentes au Québec sont identiques aux stades immatures (œuf, larve), il existe très peu d'information sur leurs cycles de vies, leurs préférences alimentaires et surtout, sur leur contribution respective aux dommages. Étant donné que la plupart des cultures peuvent être infestées par plus d'une espèce du CMS, la caractérisation des espèces causant les dommages est cruciale pour le développement d'une approche intégrée de lutte antiparasitaire puisqu'elles peuvent présenter des patrons de virulence différents dans le temps, l'espace et le type de culture, ainsi que répondre différemment aux mesures de contrôle (insecticides, méthodes de culture, lâchers d'insectes stériles, etc.). De plus, une multitude de facteurs influencent directement ou indirectement la dynamique des populations de ravageurs, et l'identification de ces facteurs est une composante importante dans la gestion intégrée des ennemis des cultures (GIEC), et pourrait permettre le développement de modèles prédictifs et de mesures d'atténuation des risques.

Ce projet a permis d'approfondir nos connaissances sur l'occurrence (espace/temps) des espèces du CMS dans les Alliums. De plus, le séquençage et l'assemblage du génome de toutes les espèces de *Delia* causant des dommages aux cultures au Québec (*Delia antiqua*, *D. radicum*, *D. florilega*, *D. platura* lignée N, *D. platura* lignée H, *D. platura* hybrides) permettra entre autres de développer de nouveaux outils d'identification et de contrôle pour ces ravageurs. Finalement, parmi les facteurs de risque agronomiques testés dans la culture d'oignon jaune en sols organiques, les conditions humides et froides pendant la saison de croissance, et les stades 2 à 4 feuilles sont les facteurs les plus susceptibles d'augmenter les dommages attribuables aux membres du CMS.

OBJECTIF(S) ET MÉTHODOLOGIE

Ce projet visait à 1) caractériser les patrons d'occurrence (temps et espace) des trois espèces du CMS dans les oignons, le soya et le maïs au Québec; 2) caractériser les différences génétiques entre les espèces du CMS, et 3) évaluer la contribution respective des espèces du CMS aux dommages causés à l'oignon en sol organique et les facteurs agronomiques influençant ces dommages. À l'aide de larves collectées par différents partenaires (Phytodata, PRISME, CRAM et CÉROM) dans le cadre d'autres projets, nous avons testé l'hypothèse selon laquelle la proportion des espèces du CMS causant des dommages est différente entre les groupes de cultures (oignons, maïs, soya). L'identification de près de 4000 larves a été effectuée à l'aide de la méthode PCR-HRM développée dans le cadre du projet IA217784 (Van der Heyden *et al.*, 2020). Ce même jeu de données nous a également permis de brosser un portrait temporel général de l'occurrence des diverses espèces dans les oignons. Le génome de chacune des espèces de *Delia* (12 spécimens) causant des dommages aux cultures maraichères dans notre système a également été séquençé sur la plateforme de séquençage NovaSeq (Génome Québec) et comparé au seul génome de référence disponible (*D. radicum*) pour le genre *Delia*. Nos observations ont été raffinées dans l'oignon sec en suivant 37 champs en sol organique sur une période de trois saisons (2020-2022) pour évaluer la contribution relative (virulence) de chacun des membres du CMS aux dommages. De plus, les données historiques de dépistage dans l'oignon jaune (2017-2022) ont été utilisées pour analyser l'influence de facteurs météorologiques et agronomiques tels que la variété, le précédent cultural et les traitements au Lorsban et/ou Sepresto sur ces dommages.

RÉSULTATS SIGNIFICATIFS POUR L'INDUSTRIE

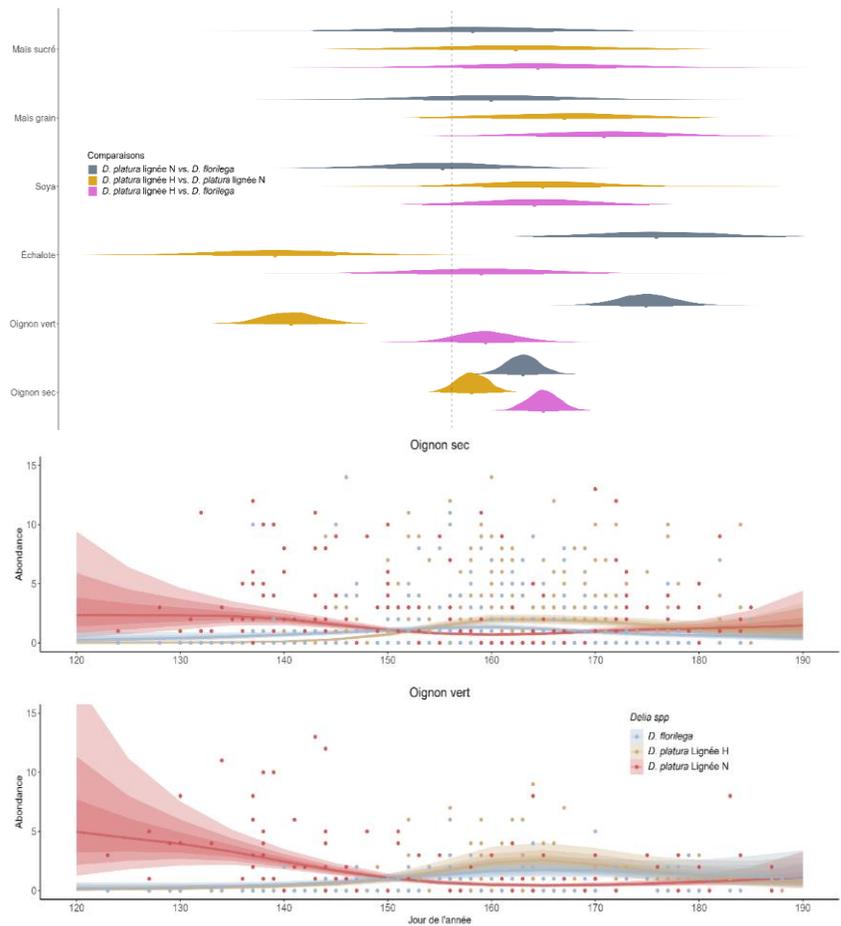
Patrons d'occurrence du CMS dans les *Allium*, le soya et le maïs

L'abondance moyenne des membres du CMS dans six cultures a été modélisée mais les faibles tailles d'échantillons pour le soja, le maïs grain, le maïs sucré et l'échalote se sont traduits par une faible certitude quant à la moyenne de la population pour ces cultures. Cependant, nous avons tout de même réussi à démontrer certains contrastes marqués entre les espèces (Fig. 1), notamment que **la lignée N de *D. platura* est clairement la plus abondante des espèces du CMS dans l'oignon vert et l'échalote alors que la lignée H montre une abondance légèrement plus élevée que les autres espèces dans l'oignon sec.** De plus, nous constatons que l'abondance modélisée de chacun des membres du CMS varie très peu d'une année à l'autre dans l'oignon sec et l'oignon vert et que les variations inter-annuelles sont dues à des facteurs liés aux champs.

Fig. 1. Différence modélisée en pourcentage de l'abondance moyenne des membres du CMS. Les distributions plus étroites représentent une plus grande certitude de la valeur de la différence)

Nous confirmons aussi que les membres du CMS ont des phénologies distinctes et que ***D. platura* lignée N est l'espèce la plus abondante dans les *Allium* en mai alors que *D. platura* lignée H et *D. florilega* sont les espèces dominantes au cours du mois de juin** (Fig. 2)

Fig. 2. Prédiction modélisée de l'abondance moyenne des trois membres du CMS dans l'oignon sec et l'oignon vert pendant la saison de croissance. Le jour 120 représente approximativement le 30 avril et le jour 190 le 9 juillet. Les intervalles représentent des intervalles de confiance de 50, 80 et 95 %



Génomomes de références : Notre équipe sera la première à publier des génomes de références pour les espèces du CMS et la mouche de l'oignon.

Potentiel respectif de dommages des espèces du CMS dans l'oignon sec en sol organique et les facteurs agronomiques influençant les dommages.

Lors du suivi standardisé des dommages dans l'oignon sec, la variabilité interannuelle de l'abondance des lignées H et N a été très importante, supportant les résultats rapportés à la section patrons d'occurrence, indiquant que des facteurs liés aux champs individuels seraient plus importants que l'année d'échantillonnage. Parmi les facteurs de risque météo et agronomiques testés dans la culture d'oignon jaune en sols organiques jusqu'à maintenant, **les conditions humides et froides pendant la saison de croissance, et les stades 2 à 4 feuilles sont les facteurs les plus susceptibles d'augmenter les dommages attribuables aux membres du CMS.** À retenir également que certains cultivars semblent moins susceptibles d'être infestés par les larves des membres du CMS et que plusieurs facteurs tels que les conditions météo avant la plantation, le % de matière organique du sol, le précédent cultural et l'utilisation de Sepresto en traitement des semences ne semblent pas avoir d'effets marqués sur la proportion de dommage attribuables aux espèces du CMS dans l'oignon jaune.

APPLICATIONS POSSIBLES POUR L'INDUSTRIE ET/OU SUIVI À DONNER

Ce projet a permis de générer un portrait de la composition, proportions relatives et patrons temporels des espèces du CMS dans plusieurs cultures d'importance économique au Québec représentant plus de 750 000 hectares cultivés, et plus particulièrement dans l'oignon. Les résultats permettront aux producteurs, chercheurs et conseillers agricoles du Québec de mieux comprendre quelle(s) espèce(s) du CMS sont les plus nuisibles aux cultures ciblées et à quel moment de la saison. Nos résultats suggèrent notamment que les deux lignées de *D. platura* ont des phénologies distinctes qui pourraient être exploitées lors de l'utilisation de la technique de l'insecte stérile. À court terme, la modélisation des facteurs de risque dans la culture de l'oignon jaune en sol organique permettra le développement d'outils d'aide à la décision pour l'utilisation de pesticides en ciblant seulement les champs à risque, ce qui permettra une meilleure rentabilité pour les producteurs en réduisant le coût des intrants (plus particulièrement le Sepresto) sans réduire le rendement. De plus, cette approche permettra de rencontrer les objectifs de réduction de l'utilisation des pesticides et des risques associés, présentés dans le plan d'agriculture durable 2020-2030 du gouvernement du Québec. À moyen terme, le séquençage et l'assemblage du génome de chacune des espèces de *Dellia* permettra le développement de nouveaux outils d'identification pour le CMS, mais aussi l'optimisation de la production de mouches stériles du chou et de l'oignon (et éventuellement des espèces du CMS) à l'aide de l'interférence ARN, en éliminant l'expression des gènes liés à la différenciation sexuelle et la spermatogénèse afin de ne produire que des mâles stériles.

POINT DE CONTACT POUR INFORMATION

Jade Savage, Ph.D.

Biological Sciences, Bishop's University

Téléphone : 819-822-9600 ex 2362

Courriel : jsavage@ubishops.ca

Anne-Marie Fortier, M.Sc.

Compagnie de recherche Phytodata inc.

514-809-4263

afortier@phytodata.ca

REMERCIEMENTS AUX PARTENAIRES FINANCIERS

Ces travaux ont été réalisés **en partie** grâce à une aide financière du Programme Innov'Action agroalimentaire, un programme issu de l'Accord Canada-Québec de mise en œuvre du Partenariat canadien pour l'agriculture conclu entre le ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation et Agriculture et Agroalimentaire Canada. Les auteurs tiennent également à remercier les équipes de PRISME et Phytodata, les étudiants et stagiaires qui ont participé au projet, ainsi que tous les producteurs participants qui nous ont laissé accéder aux champs pour prélever des échantillons.