

## POSTER



### Approches de type DNA-Barcoding sur les populations de thrips au sein des cultures ornementales sous serre

**Bout A.<sup>1</sup>, Marchand A.<sup>1,2</sup>, Disdier M.<sup>1</sup>, Crochard D.<sup>1</sup>, Ziegler M.<sup>1</sup>, Ris N.<sup>1</sup>, Malausa T.<sup>1</sup>, Robert F.<sup>2</sup>**

<sup>1</sup> INRA - UMR 1355 ISA, 06903 Sophia-Antipolis

<sup>2</sup> Astredhor - 44 rue d'Alésia 75682 PARIS Cedex 14

Auteur : Anaël MARCHAND

Sous l'impulsion des objectifs de réduction des pesticides fixés par les pouvoirs publics (programme Ecophyto), le développement des stratégies de protection des cultures « bas-intrants » induit une complexification de la composante biotique des agro-écosystèmes. Dans ce contexte, les stratégies de protection font appel à un niveau de précision supérieur et reposent sur un ensemble de méthodes de lutte spécifique contre les ravageurs. Ces méthodes nécessitent des diagnostics précis des espèces de ravageurs et une meilleure compréhension des interactions biotiques. L'exemple type de ravageurs mettant à mal les stratégies « bas-intrants » est la famille des Thysanoptères. En effet, les thrips causent des pertes économiques majeures, sont difficiles à détecter et encore plus à identifier au niveau spécifique. Ces problèmes de diagnostic conduisent à des erreurs de stratégie pouvant être responsables d'échecs dans la gestion du ou des bio-agresseur(s) : chronologie des interventions inadaptée, inefficacité du traitement chimique, échec de la lutte biologique. Ces situations correspondent à des impasses dans la stratégie de production avec une « fuite en avant » vers l'usage de toujours plus de pesticides. En outre, les travaux récents sur les thrips montrent que leur diversité est encore mal appréhendée.

Afin de mieux comprendre les dynamiques épidémiologiques des thrips, nous avons développé, dans le cadre d'un partenariat INRA – Astredhor, des moyens de caractérisation de type « DNA Barcoding » pour les thysanoptères qui comportent de nombreux représentants considérés comme des ravageurs majeurs des cultures (par exemple *Frankliniella occidentalis* ou *Thrips tabaci*) mais aussi des auxiliaires potentiels (comme *Franklinothrips vespiformis* et *Aeolothrips* sp.).

#### **Abstract**

#### ***DNA-Barcoding approaches to study thrips population in greenhouse ornamental crops***

*Due to the pesticide use reduction fixed by national policy (Ecophyto Plan), design of low inputs crop protection strategies lead to render the biotic component of the agro-systems more complex. In this context, crop protection strategies need to be more precise and use a mix of integrated specific crop protection methodologies against multiple pests. These methodologies need a precise identification of the pest encountered and a better understanding of the biotic interactions. Thysanoptera is a good example of a family of insects which turns out inefficient these low inputs strategies. Indeed, thrips cause major economic damages, are hard to be detected and are really complex for morphological identification. These issues should lead to bad control strategies and should be responsible of failure in population control: timing of action, resistance regarding to the pesticide, failure of biological control, etc. This situation matches to deadlock in crop protection strategy with still more and more pesticides application. Moreover, recent studies on thrips highlight an underestimated diversity.*

*In order to improve our knowledge regarding spatial and temporal dynamics of trips' epidemics, we start a collaborative project between INRA and Astredhor. We use DNA-Barcoding approaches to characterize the real diversity of Thysanoptera family which include both major agronomics pests like *Frankliniella occidentalis* or *Thrips tabaci* and natural beneficial like *Franklinothrips vespiformis* or the genus *Aeolothrips* sp.*