

COLLOQUE



18^e Biologie de l'insecte



Les insectes,
source de nourriture

L'évolution de la biodiversité
de l'entomofaune...

18^{ème}

Colloque Biologie de l'Insecte

Du 27 au 29 juin 2016

Tours (France)



Organisé par

Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI)

UMR CNRS 7261 - Université de Tours

Partenaires



NextAlim



Crédit photo : Sonia Dourlot

Comité d'organisation

Marlène Goubault (Responsable)

Hugo Baglan
Romain Boisseau
Rached Botsy
Lou Brossette
Marlène Chirault
Franck Dedeine
Simon Dupont
Mylène Exbrayat
Kévin Fradin
David Giron
Kévin Hidalgo
Mourad Jaffar-Bandjee
Thibaut Josse
Claudio Lazzari
Charlotte Lécureuil
Vincent Lhuillier
Christophe Lucas
Joël Meunier
Sébastien Moreau
Virginie Party
Elfie Perdereau
Sylvain Pincebourde
Marie-Anne Wycke

Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI) - UMR CNRS 7261
UFR Sciences & Techniques, Université F. Rabelais
Parc Grandmont, Avenue Monge,
37200 Tours



Nous souhaitons suivre une démarche éco-responsable et visons le 0 déchet !

Programme CBI 2016

	Lundi 27		Mardi 28		Mercredi 29		
9:00							
9:20		Bienvenue		James Cook		Barbara Feldmeyer	
9:40	Symbiose	Anne Lizé		Leppik		Brosette	
10:00				Benzidane		Lucas	
10:20		Maire		Pause		Pause	
10:40		Pause		Couty		Volgelweith	
11:00		Simonet		Dubreuil		Meunier	
11:20		Drezen		Zhang		Darrouzet	
11:40		Chevasco		Naessens		Poinsot	
12:00		Repas		Repas		Repas	
12:20							
12:40							
13:00							
13:20							
13:40	Biodiversité	Art Woods					
14:00		Dhinaut		Yves Carton		Chirault	
14:20		Renou				Simon	
14:40		Bouget		Guschinskaya		Bressac	
15:00				Cortesero		SEF / Prix étudiants	
15:20		Pause		Pause		Clôture	
15:40		Kaiser-Arnauld		Richard			
16:00		Laroche		Collet			
16:20		Brahami		Dacher			
16:40	Nutrition	Arnold van Huis		Banquet			
17:00							
17:20	Micronutris						
17:40		Session Poster					
18:00							
18:20		Dégustation d'insectes (Micronutris) + Apéritif					
18:40							
19:00							
19:20							

Détails du programme sur les pages suivantes.

Programme détaillé

LUNDI 27 JUIN

09h20 *Allocution de bienvenue*

09h40 Anne Lizé (Plénière)

Microbiote et systèmes de reconnaissance chez des insectes (p11)

10h20 Justin Maire

Comment vivre à deux : rôle de "Peptidoglycan Recognition Proteins" dans l'homéostasie symbiotique chez le charançon des céréales *Sitophilus* spp. (p12)

10h40 - 11h00 *Pause*

11h00 Pierre Simonet

Une nouvelle forme de mort cellulaire impliquée dans la dégénérescence des cellules bactériocytaires chez le puceron du pois, *Acyrtosiphon pisum* (p13)

11h20 Jean-Michel Drezen

Evolution d'un virus symbiote dans le génome des guêpes parasitoïdes (p14)

11h40 Veronica Chevasco

Diversity and composition of the hindgut microbial communities in lower termites (p15)

12h00 - 13h40 *Déjeuner*

13h40 Arthur Woods (Plénière)

How will climate change affect insects? Challenges and potential answers (p16)

14h20 Julien Dhinaut

Spécificité du priming immunitaire intra et inter-générationnel, chez le ténébrion meunier, *Tenebrio molitor* (p17)

14h40 Michel Renou

Communiquer dans un environnement olfactif bruité : comment les noctuelles reconnaissent la phéromone dans un arrière-plan odorant ? (p18)

15h00 Christophe Bouget

Opportunités de la métagénomique pour le suivi de la biodiversité entomologique : l'exemple des coléoptères saproxyliques en France (p19)

15h20 - 15h40 *Pause*

15h40 Kaiser-Arnauld

Diversité populationnelle chez un insecte parasitoïde et implications en lutte biologique (20)

16h00 Fabien Laroche

Effets des relations trophiques et des variables micro-climatiques sur la co-occurrence d'espèces de coléoptères fongicoles (p21)

16h20 Karima Brahmi

Biodiversité de l'entomofaune dans 3 trois palmeraies dans la région d'In Salah, Algérie (p22)

16h40 Arnold van Huis (Plénière)

Potential of insects as food and feed in assuring food security (p23)

17h20 Micronutris (partenaire)

17h40 Session poster (liste des posters p8-9)

18h20 - 19h40 *Dégustation d'insectes + Apéritif*

Programme détaillé

MARDI 28 JUIN

09h00 James Cook (Plénière)

A geographic perspective on the diversity, ecology and evolution of a fig wasp community (p24)

09h40 Ene Leppik

Complexité de paysage chimique des grandes cultures : Perspectives des nouvelles méthodes de lutte contre les ravageurs (p25)

10h00 Yassine BenzidaneModification des récepteurs cholinergiques de type nicotinique par des doses sublétales d'imidaclopride chez la blatte *Periplaneta americana* (p26)

10h20 - 10h40

Pause

10h40 Aude Couty

Influence d'un phytovirus sur un système tri-trophique : approches physiologiques et comportementales (p27)

11h00 Géraldine Dubreuil-FabreIdentification of effectors involved in the adaptation to the host environment in the leaf miner *Phyllonorycter blancardella* (p28)**11h20 Hui Zhang**

Dynamics and origin of cytokinins involved in plant manipulation by a leaf-mining insect (p29)

11h40 Elodie Naessens

Rôle des cytokines MIF dans l'interaction Puceron-Plante (p30)

12h00 - 14h00

Déjeuner

14h00 Yves Carton (Plénière)

Les Entomologistes français et américains traversent l'Atlantique (1830-1940) (p31)

14h40 Natalia Guschinskaya / Yvan RahbéAnalyse génomique et méta-analyse transcriptomique des protéines cuticulaires chez le puceron du pois *Acyrtosiphon pisum* (p32)**15h00 Anne Marie Cortesero**

Perturber le choix des plantes-hôtes pour développer de nouvelles stratégies de protection des cultures (p33)

15h20 - 15h40

Pause

15h40 Gautier Richard

Accessibilité accrue de la chromatine du chromosome X des individus mâles chez le puceron du pois (p34)

16h00 Marie Collet

Evitement d'accouplement entre apparentés : une étude de terrain chez une guêpe parasitoïde (p35)

16h20 Matthieu DacherL'habituation gustative chez la noctuelle *Agrotis ipsilon* et sa modulation par les phéromones sexuelles (p36)

16h40 Départ excursion

17h00 Banquet

Programme détaillé

MERCREDI 29 JUIN

09h00 Barbara Feldmeyer (Plénière)

Behavioral variation and its genomic basis in ants (p37)

09h40 Lou Brossette

Journey to the heart of termites' family life: An uncommon inner insight into nascent colonies (p38)

10h00 Christophe Lucas

Why does the foraging gene represent a major player regulating behavior in social insects? (p39)

10h20 - 10h40 *Pause café*

10h40 Fanny Vogelweith

Short- and long-term effects of maternal care on offspring personal immunity in earwigs (p40)

11h00 Joël Meunier

Earwigs don't give a shit: benefits of allo-coprophagy in families of the European earwig *Forficula auricularia* (p41)

11h20 Eric Darrouzet

Dépression de consanguinité et signature chimique chez une espèce invasive, le frelon asiatique *Vespa velutina* (p42)

11h40 Denis Poinso

Female contests and competitor-driven clutch size adaptation in a specialist coleopteran parasitoid (p43)

12h00 - 14h00 *Déjeuner*

14h00 Marlène Chirault

Sperm storage and sperm management constrain sex ratio manipulation in a parasitoid wasp, *Nasonia vitripennis* (p44)

14h20 Jean-Christophe Simon

Le contrôle génétique de la perte du sexe dévoilé chez le puceron du pois (p45)

14h40 Christophe Bressac

Cotesia congregata a les plus petits spermatozoïdes du monde (p46)

15h00 Présentation SEF + Remise des prix étudiants

15h20 Clôture du colloque

1. **Hugo Baglan**, Claudio Lazzari, Fernando Guerrieri
Impact du glyphosate sur l'apprentissage chez les larves d'Aedes aegypti (p48)
2. Florent Bogaert, **Pauline Lebecque**, Quentin Chesnais, Pierre Menu, Géraldine Doury, Vincent Leroux, Arnaud Ameline, Aude Couty
Effet des cultures en association sur la pression parasitaire et la régulation par les ennemis naturels (p49)
3. **Romain Boisseau**, Art Woods, Marlène Goubault
Coûts métaboliques de l'accès aux hôtes chez la guêpe parasitoïde Eupelmus vuilleti (p50)
4. **Fella Bouti**, Mohamed Laid Berkani, Salaheddine Doumandji
Inventaire sur la faune pollinisatrice associée à la phoeniciculture dans les oasis de Birsakra (Algérie) (p51)
5. **Karima Brahmi**
Biodiversité des culicidés dans la région de Tizi-Ouzou (p52)
6. **Karima Brahmi**, Said Slimani, Meriem Bellabidi, Hamid Achour, Salaheddine Doumandji
Inventory of common pests of tomato in the region of M'Rara (Djamaa, El Oued; Algeria) (p53)
7. **Quentin Chesnais**, Aude Couty, Maryline Uzest, Véronique Brault, Arnaud Ameline
Interactions between phytovirus and aphids vectors can be modulated depending on vector transmission efficiency (p54)
8. **Mylène Exbrayat**, Ryan Earley, Marlène Goubault
La résolution des conflits chez Eupelmus vuilleti (Hymenoptera : Eupelmidae) (p55)
9. Kévin Fradin, **Claudio Lazzari**
Recherche de nouvelles molécules répulsives contre Aedes aegypti (p56)
10. **Jérémy Gévar**, Simon Dupont, Marianne Coquet, Julie Laumond, **Eric Darrouzet**
An endoparasitoid can parasitize the yellow-legged hornet, Vespa velutina nigrithorax, and could help limit the spread of this invasive hornet in Europe (p57)
11. **Julie Grandgirard**, Laura Hartmann, Maurice Wong
Evaluation du contrôle biologique naturel des ravageurs en culture de tomates sous abri en Polynésie française (p58)

12. **Coralie Guerry**, Stéphanie Bankhead-Dronnet, Cécile Vincent-Barbaroux, Quentin Rome, Claire Villemant, Colin Fontaine, Mathilde Baude
Suivi d'une espèce invasive en France, le frelon asiatique Vespa velutina nigrithorax, par les sciences participatives SPIPOLL (p59)
13. **Antoine Guiguet**, Carlos Lopez-Vaamonde, Issei Ohshima, David Giron
Les Gracillariidae : un groupe d'intérêt pour l'étude de l'évolution du mode de vie galligène (p60)
14. **Charlotte Lécureuil**, Benoit Goursaud, Sophie Fouchécourt, Philippe Monget
Analyse évolutive par phylogénie moléculaire comparée des gènes impliqués dans la reproduction mâle (p61)
15. **Virginie Party**, Michael Greenfield
Evolution du chorus chez les animaux acoustiques (p62)
16. **Gwendoline Percel**, Guilhem Parmain, **Christophe Bouget**
Les îlots de vieillissement forestiers sont-ils des outils efficaces de conservation de la biodiversité ? (p63)
17. **Elfie Perdereau**, Damien Munier, Marie Zimmermann, Ingrid Arnault, Marlène Goubault
Evaluation de la biodiversité en arthropodes dans les vignobles du Centre Val de Loire (p64)
18. **Carole Rolengha**, Stephane Prigent, Michel Veuille
Structuration spatio-temporelle des communautés de drosophiles en Afrique Centrale (p65)
19. **Marie-Anne Wycke**, Jérémy Gévar, Eric Darrouzet
Communication chimique du frelon asiatique, une solution de piégeage sélectif ? (p66)

Communications orales



LUNDI 27 JUIN | 9H40

Microbiote et systèmes de reconnaissance chez des insectes

Anne Lizé¹

¹*Ecosystèmes, biodiversité, évolution (ECOBIO), INEE, Université de Rennes 1, CNRS : UMR6553, Observatoire des Sciences de l'Univers de Rennes, Université de Rennes 1 - Campus de Beaulieu, Rennes, France.*

Les bactéries qui résident dans ou sur leur hôte, sont connues pour être impliquées dans les fonctions physiologiques et digestives des individus. Pourtant, peu d'études se sont intéressées à l'impact de ces bactéries sur les comportements et l'évolution des organismes, à l'exception des endosymbiontes et des pathogènes. Ceci, en dépit du fait que le lien entre la composition bactérienne, et l'odeur des organismes pourrait affecter les systèmes de reconnaissance inter-individuelle. Nos résultats démontrent que les bactéries composant le microbiote intestinal et/ou cuticulaire sont impliquées dans la reconnaissance et le choix du partenaire sexuel chez les drosophiles. Par exemple, chez *Drosophila melanogaster* les femelles choisissent préférentiellement les mâles ayant un microbiote similaire ou différent du leur selon le contexte. De plus, le microbiote interfère avec le ou les signaux de reconnaissance de parentèle, ou est utilisé directement comme signal de familiarité selon les espèces. Des analyses complémentaires des odeurs (hydrocarbures cuticulaires) des individus selon la présence/absence du microbiote confirment le lien entre le microbiote et les odeurs individuelles chez ces insectes. L'impact du microbiote sur les comportements de leur hôte et particulièrement ceux impliqués dans la reproduction pourrait avoir des conséquences évolutives importantes pour les populations hôtes, notamment en termes d'isolement reproducteur.

LUNDI 27 JUIN | 10H20

Comment vivre à deux : rôle de "Peptidoglycan Recognition Proteins" dans l'homéostasie symbiotique chez le charançon des céréales *Sitophilus* spp.

Justin Maire¹, Carole Vincent-Monégat¹, Séverine Balmand¹, Agnès Vallier¹, Mireille Hervé², Jackie Perrin³, Aurélien Vigneron¹, Florent Masson¹, Caroline Anselme¹, Nicolas Parisot¹, Marie-Odile Fauvarque³, Dominique Mengin-Lecreulx², Anna Zaidman-Rémy¹, Abdelaziz Heddi¹

¹Biologie Fonctionnelle, Insectes et Interactions (BF2I), Institut national de la recherche agronomique (INRA): UR0203, Institut National des Sciences Appliquées (INSA), Villeurbanne, France. ²Institut de Biologie Intégrative de la Cellule (I2BC), CEA, UMR CNRS 9198, Université de Paris-Sud Orsay, Gif-sur-Yvette, France. ³Unité de biologie à grande échelle (BGE), Inserm, CEA, Université Joseph Fourier - Grenoble I, Grenoble, France

De nombreux insectes vivant dans des habitats nutritionnellement déséquilibrés ont développé des symbioses avec des bactéries intracellulaires (endosymbiotes) qui leur fournissent des compléments métaboliques et augmentent leurs capacités adaptatives et invasives. Les endosymbioses proviendraient d'une infection ancestrale de l'hôte par une bactérie libre, qui aurait ensuite coévolué avec l'hôte pendant des millions d'années. Au cours de cette coévolution, le génome bactérien subit une réduction de taille drastique due à la perte de nombreux gènes, comme les gènes de virulence ou ceux impliqués dans la synthèse de la paroi bactérienne, qui contient des éliciteurs de la réponse immunitaire. L'évolution du système immunitaire de l'hôte en réponse à la présence chronique du symbiote demeure en revanche peu connue. La symbiose représente un défi immunologique pour l'hôte : alors que le système immunitaire assure habituellement l'élimination de bactéries pathogènes, le maintien de la symbiose requiert la tolérance, la préservation et le contrôle des symbiotes. Le charançon du genre *Sitophilus* vit en symbiose avec la bactérie *Sodalis pierantonius*. Cet endosymbiote est contenu dans des cellules spécialisées, elles-mêmes groupées en un bactériome. Cet organe présente une réponse immunitaire locale particulière, adaptée au maintien et au contrôle des endosymbiotes. *S. pierantonius* aurait été acquis récemment et son génome présente la particularité de posséder les gènes impliqués dans la synthèse d'éléments de la paroi bactérienne, comme le peptidoglycane, le rendant immunogène pour son hôte. Nous démontrons ici le rôle de deux « *Peptidoglycan Recognition Proteins* » (PGRP) de l'hôte dans la tolérance immunitaire de ces symbiotes. L'extinction de leur expression par ARNi entraîne le déclenchement d'une réponse immunitaire systémique. L'analyse biochimique montre que ces protéines clivent le peptidoglycane bactérien en fragments non immunogènes, limitant la réponse immunitaire aux symbiotes. Cette étude met en évidence une évolution adaptative du système immunitaire des insectes qui leur permet de tolérer leurs endosymbiotes.

LUNDI 27 JUIN | 11H00

Une nouvelle forme de mort cellulaire impliquée dans la dégénérescence des cellules bactériocytaires chez le puceron du pois, *Acyrtosiphon pisum*

Pierre Simonet¹, Séverine Balmand¹, Karen Gaget¹, Gabrielle Duport¹, Nicolas Parisot¹, Gérard Febvay¹, Abdelaziz Heddi¹, Hubert Charles¹, Patrick Callaerts², Federica Calevro¹

¹Biologie Fonctionnelle, Insectes et Interactions (BF2I), Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR0203, Institut National des Sciences Appliquées [INSA] – Lyon, Villeurbanne, France.

²Laboratory of Behavioral and Developmental Genetics (LBDG), KU Leuven, VIB Center for the Biology of Disease, Leuven, Belgique.

Les associations symbiotiques constituent un moteur majeur de la diversification écologique et évolutive des organismes métazoaires. Malgré des progrès considérables dans la compréhension des interactions hôte/symbiotes chez les insectes, peu d'éléments sont connus sur la dynamique de ces interactions à l'échelle de la vie de l'hôte. Dans cette étude, nous avons utilisé la symbiose nutritionnelle entre le puceron *Acyrtosiphon pisum* et son symbiote intracellulaire, *Buchnera aphidicola*, comme système modèle. En combinant des approches inédites de quantification absolue des symbiotes par cytométrie en flux et d'imagerie cellulaire, nous avons montré que les bactériocytes, cellules spécialisées de l'insecte constituant l'organe symbiotique, connaissent une phase de croissance de l'embryon à l'âge adulte, de manière coordonnée avec celle des populations symbiotiques qu'ils hébergent (Simonet *et al.*, Scientific Reports, 2016). Cette croissance répond aux besoins nutritionnels de l'hôte, qui nécessite pour son développement de grandes quantités d'acides aminés essentiels, produits par le symbiote. Contrairement à d'autres modèles symbiotiques, les bactériocytes ne disparaissent pas à la vie adulte, mais subissent, au cours du vieillissement du puceron, une dégénérescence progressive caractérisée par d'importantes modifications morphologiques accompagnées d'une réduction de leur taille et de leur nombre. Utilisant des approches de microscopie électronique et de biologie moléculaire, nous avons montré que cette dégénérescence bactériocytaire ne présente pas les signes classiques de l'apoptose. Elle débute avec une accumulation massive de larges vacuoles cytoplasmiques dépourvues d'organites cellulaires, suggérant une hyperstimulation des processus de macropinocytose et/ou une altération du système endosomal. Cette hypervacuolisation est suivie d'une activation de l'autophagie, avec induction des gènes ATG (Autophagy related Genes) et accumulation d'autophagosomes dans les espaces intervacuolaires. La découverte chez les insectes de ce phénomène de mort cellulaire non-apoptotique en deux étapes, rappelant la methuosis, ouvre la voie à l'identification de nouveaux mécanismes de mort cellulaire impliqués dans la régulation des cellules symbiotiques.

LUNDI 27 JUIN | 11H20

Evolution d'un virus symbiote dans le génome des guêpes parasitoïdes

Jeremy Gauthier¹, Annie Bézier¹, Jean-Marc Aury², Valérie Barbe², Anthony Bretaudeau³, Fabrice Legeai³, Karine Musset¹, Diane Bigot¹, Thibaut Josse¹, Sébastien Moreau¹, Philippe Gayral¹, Elisabeth Huguet¹, Elisabeth Herniou¹, Jean-Michel Drezen¹

¹Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France. ²Genoscope - Centre national de séquençage, Evry, France. ³Institut de Génétique, Environnement et Protection des Plantes (IGEPP), Institut national de la recherche agronomique, UMR1349, AGROCAMPUS OUEST, Rennes, France

Les Bracovirus sont des virus symbiotiques associés de manière stable à un ensemble de guêpes parasitoïdes de la famille des braconides constituant un groupe monophylétique, le complexe microgastroïde. Ils jouent un rôle crucial dans le cycle de vie de la guêpe. En effet ils produisent des particules qui sont injectées par la guêpe dans son hôte lépidoptère au cours de l'oviposition et sont indispensables au développement des larves de guêpe dans les chenilles parasitées. Les particules de bracovirus contiennent plusieurs dizaines de cercles d'ADN double brin codant pour des gènes de virulence, tandis que les gènes utilisés pour produire les particules résident de manière permanente dans le génome de la guêpe. Les gènes de virulence sont exprimés par les cellules de l'hôte et produisent des facteurs qui vont contribuer à manipuler la physiologie de l'hôte et en particulier à inhiber ses défenses immunitaires. Chaque espèce de guêpe possède son propre virus mais les associations guêpes-bracovirus sont toutes issues d'un événement évolutif unique : l'intégration de l'ADN d'un virus dans le génome de l'espèce de guêpe ancêtre du complexe microgastroïde. Après l'intégration initiale, le virus, transmis par la voie chromosomique, a évolué différemment en fonction des lignées de guêpe. En comparant les génomes de guêpes parasites récemment séquencées, nous avons analysé l'évolution des séquences virales dans le génome des guêpes. Les gènes impliqués dans la production de particules et ceux codant pour des gènes de virulence évoluent selon des dynamiques très différentes. Les virus associés aux guêpes parasites sont à ce jour les seuls exemples de virus endogènes conférant un avantage fonctionnel à l'organisme qui les porte. Notre analyse de génomique comparative permet de mieux comprendre comment un virus endogène évolue quand il confère un bénéfice à son hôte.

LUNDI 27 JUIN | 11H40

Diversity and composition of the hindgut microbial communities in lower termites

Veronica Chevasco¹, Vincent Lhuillier¹, Simon Dupont¹, Anne-Geneviève Bagnères¹, Franck Dedeine¹

¹*Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France.*

Nutritional mutualistic symbioses are mutually beneficial associations for metabolic exchange that occur between a host and its symbiotic microorganisms. Termites are wood-feeding social insects that exhibit complex nutritional mutualistic symbioses with an assemblage of gut microorganisms including prokaryotes (archaea and bacteria) and flagellated eukaryotes (Parabasalid and Oxymonad protists). In termites, microbial communities have a key role for lignocellulose degradation. On the other hand, microbial communities depend on termites for anaerobic habitats and nutrient supply. The role and interactions of multiple symbionts have relevant evolutionary implications for our understanding of the dynamics of host-symbiont nutritional symbiosis. For instance, different microbial taxa may perform complementary or even synergistic functions for their host. The first step to better understand these complex interactions is to identify the different symbiont species that are present in termite's guts. We analyzed bacterial communities from two foraging species of the genus *Reticulitermes* (Rhinotermitidae) *R. flavipes* and *R. grassei*, and from one wood dwelling termite of the genus *Kaloterme*s (Kalotermitidae) *Kaloterme*s *flavicollis*. Our study was based on a metabarcoding approach of the V3-V4 region of 16SrRNA. Our results showed that these species exhibit associations with the following bacterial phyla: Bacterioidetes, Spirochaetae, Proteobacteria, Elusimicrobia and Firmicutes. Additionally, in terms of taxa composition, the wood dwelling *Kaloterme*s *flavicollis* exhibited the lowest diversity when compared to *Reticulitermes* foraging species. Therefore, termite's lifestyle may shape microbial communities composition and abundance. Moreover, bacterial community's variation among wood-feeding termite taxa may reflect the different roles that nutritional mutualistic symbionts have in distinct termite species.

LUNDI 27 JUIN | 13H40

How will climate change affect insects? Challenges and potential answers

Art Woods¹

¹*University of Montana, Missoula, USA*

A central problem in biology today is to predict how organisms will respond to climate change. I survey the possibilities for insects, whose small body sizes, ectothermic lifestyles, and high capacities for reproduction and dispersal make them likely to show large, rapid responses. Climate-driven effects can be abiotic or biotic. On the abiotic side, temperature and water are likely to be strong drivers of change. I argue in favor of mechanistic models, which incorporate realistic descriptions of insect physiology and behavior, and which analyze how physiology and behavior are affected by detailed descriptions of climate that are matched, spatially and temporally, to the body sizes and movement patterns of insects, i.e., their microclimates. So far, few studies have taken this approach, although we are now in a period of rapid progress. On the biotic side, insect populations will be affected by shifting distributions of host plants, diseases, predators, and parasitoids. The effects of these factors on insect populations are more difficult to predict—because they incorporate abiotic influences on all component populations alone, in addition to the effects on interactions among them. Taking the abiotic and biotic sides together, I conclude, first, that predicting how insects will respond to climate change is dauntingly difficult and, second, that it's essential that we develop better mechanistic models. Good models will make clear general predictions but also will highlight the contingencies that describe how insects with particular sets of traits, or living in particular places, are likely to deviate from the general predictions.

LUNDI 27 JUIN | 14H20

Spécificité du priming immunitaire intra et inter-générationnel, chez le ténébrion meunier, *Tenebrio molitor*.

Julien Dhinaut¹, Manon Chogne¹, Yannick Moret¹

¹Biogéosciences, Université de Bourgogne, UMR CNRS 6282, Dijon, France

Les invertébrés peuvent moduler leur réponse immunitaire en fonction de leur expérience immunologique. Cette modulation plastique de l'immunité appelée « priming immunitaire » se traduit par le développement d'une meilleure immunocompétence pour l'individu ou pour sa descendance à la suite d'un premier contact avec un agent pathogène. L'exposition répétée des insectes et de leur descendance aux mêmes pathogènes établis dans leur environnement est probablement à l'origine de l'évolution du priming immunitaire. Ce scénario donnerait alors l'opportunité à une forme spécifique du priming immunitaire d'évoluer en améliorant spécifiquement l'immunité des individus et de leur descendance vis-à-vis des parasites rencontrés. Ici, la spécificité du priming immunitaire intra et inter-générationnel a été recherchée chez le ténébrion meunier, *Tenebrio molitor*. Nous avons comparé la survie d'insectes à des infections bactériennes à Gram positif ou Gram négatif en fonction de leur propre expérience immunologique ou celle de leur mère avec ces bactéries. Si le priming immunitaire augmente la survie des individus et de leur descendance, aucune spécificité n'a été mise en évidence pour le priming inter-générationnel. En outre, si le priming immunitaire intra-générationnel n'est pas spécifique au sens strict, les insectes immunisés par des bactéries à Gram positif sont mieux protégés contre tout type d'infection bactérienne par rapport aux insectes immunisés par des bactéries à Gram négatif. Ces résultats suggèrent que le priming immunitaire aurait évolué principalement en réponse à l'exposition répétée de bactéries à Gram positif chez *T. molitor*.

LUNDI 27 JUIN | 14H40

Communiquer dans un environnement olfactif bruité : comment les noctuelles reconnaissent la phéromone dans un arrière-plan odorant ?

Michel Renou¹, Thomas Bourgeois¹, Matthieu Dacher¹, Alexis Buatois^{1,2}, Alicia Munoz¹, Stéphanie Cornejo¹

¹Institut d'Ecologie et des Sciences de l'Environnement (IEES), *Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1392, Université Pierre et Marie Curie (UPMC) - Paris VI, Versailles, France.* ²Centre de Recherches sur la Cognition Animale (CRCA), *UMR CNRS 5169, Université Paul Sabatier [UPS] - Toulouse III, Toulouse, France*

L'olfaction est une modalité sensorielle essentielle pour les insectes. On considère généralement qu'ils répondent de manière déterministe aux signatures olfactives de leurs hôtes ou partenaires. Cependant, en conditions naturelles, ces signaux sont émis dans un environnement chimique complexe et changeant. Premièrement, les émissions volatiles des plantes et les phéromones sont dispersées et brassées par des courants d'air turbulents qui les fragmentent en filaments intermittents. Deuxièmement, le signal à reconnaître est généralement un mélange dans des proportions spécifiques de plusieurs constituants, eux-mêmes présents dans une très grande diversité et abondance de composés organiques volatils. Dans ce contexte, le système « odeurs de plantes/phéromone de papillon nocturne » offre un modèle particulièrement pertinent pour étudier les effets de l'arrière-plan olfactif sur la discrimination d'une odeur et l'orientation vers sa source. En utilisant des approches complémentaires nous avons montré que les composés volatils de plantes (CVPs) interfèrent avec la perception de la phéromone. Des enregistrements électrophysiologiques dans les antennes ou les lobes antennaires révèlent que des CVPs affectent la détection des constituants de la phéromone par les neurones récepteurs olfactifs et leur intégration par les neurones centraux. Des phénomènes d'agonisme partiel, d'antagonisme ou de masquage altèrent le codage intensitif, qualitatif et temporel du signal phéromonal. Des enregistrements de trajectoires de vol indiquent que le comportement des mâles qui s'orientent vers une source de phéromone est modulé par l'arrière-plan odorant. L'attractivité relative de mélanges phéromonaux dont on fait varier les proportions des constituants est également modifiée. Ces résultats démontrent que la perception du signal chimique est influencée par le contexte sensoriel, même au sein d'un système de communication très spécialisé. Ces interactions entre « signal » et « bruit de fond » introduisent des facteurs de variabilité au sein des chaînes de communication naturelles et pourraient jouer un rôle significatif dans les phénomènes d'adaptation.

LUNDI 27 JUIN | 15H00

Opportunités de la métagénomique pour le suivi de la biodiversité entomologique : l'exemple des coléoptères saproxyliques en France

Christophe Bouget¹, Rodolphe Rougerie², Carlos Lopez-Vaamonde³, Shadi Shokrala⁴, Mehrdad Hajibabaei⁴

¹Ecosystèmes forestiers (UR EFNO), Irstea, Nogent-sur-Vernisson, France. ²Muséum national d'histoire naturelle (MNHN), Ministère de l'Ecologie, du Développement Durable et de l'Energie, Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche, Paris, France. ³INRA (URZF) Institut national de la recherche agronomique (INRA) ; Orléans, France. ⁴Biodiversity Institute of Ontario, University of Guelph, Canada.

Les Coléoptères sont des indicateurs pertinents en écologie forestière appliquée, mais leur identification spécifique requiert une expertise taxonomique forte et rare. Nous testons ici une méthode alternative d'identification moléculaire des espèces par leurs codes-barres ADN. En collaboration avec des experts taxonomistes, nous avons construit une bibliothèque de codes-barres ADN pour 410 espèces françaises, complémentaire des bibliothèques bavaroise et finlandaise disponibles dans la base de données www.boldsystems.org. Le taux de succès satisfaisant du séquençage pour une diversité de familles et l'analyse des divergences intra- et interspécifiques ont démontré la pertinence du marqueur choisi, y compris pour des espèces proches. Plusieurs questions taxonomiques intéressantes ont été soulevées par nos résultats, et soulignent les perspectives des codes-barres ADN dans la taxonomie intégrative des Coléoptères. Dans un second temps, grâce aux nouvelles technologies de séquençage (NGS), nous avons appliqué le « metabarcoding » pour analyser des échantillons multispécifiques résultant de pièges standards. Au total, 35 échantillons représentant différents types de piégeage, de préservation des échantillons, de substrat séquencé (spécimens broyés vs. alcool de stockage) ont été livrés à une identification morphologique traditionnelle, puis reconditionnés et traités par NGS. Le taux de détection des espèces par NGS s'est révélé beaucoup plus fort et moins variable avec l'ADN du broyat qu'avec l'alcool de stockage. L'identification moléculaire des espèces dans un échantillon complexe s'est avérée performante en dépit de conditions de préservation de l'ADN non optimisées. Elle a également offert une plus-value, puisque la moitié des taxons supra-spécifiques que les taxonomistes ne pouvaient pas identifier morphologiquement ont été identifiés formellement à l'espèce par NGS. L'analyse NGS a également fourni des espèces additionnelles dont l'origine est discutée. A partir de ces résultats encourageants, l'optimisation du protocole d'échantillonnage, du conditionnement des échantillons et des méthodes d'analyse est en cours pour développer l'usage des insectes forestiers comme indicateurs écologiques.

LUNDI 27 JUIN | 15H40

Diversité populationnelle chez un insecte parasitoïde et implications en lutte biologique

Laure Kaiser-Arnauld¹, Romain Benoist¹, Matthieu Bodet¹, Celina Chantre¹, Claire Capdevielle-Dulac¹, Julius Obonyo², Stephane Dupas¹, Elisabeth Huguet³, Florence Mougel¹, Bruno Le Ru^{1,2}

¹Evolution Génomes Comportement Ecologie (EGCE), UMR CNRS 9191, Campus CNRS, Gif-sur-Yvette, France. ²International Centre of Insect Physiology and Ecology (ICIPE), Nairobi, Kenya. ³Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France

Le succès reproducteur des insectes parasites de larves d'insectes dépend de la virulence du parasite et de la résistance immunitaire de l'hôte, qui peuvent varier en fonction des populations en présence. La compréhension de ces variations est un enjeu central pour l'utilisation des insectes parasitoïdes en lutte biologique, car il concerne l'efficacité du parasitoïde vis-à-vis de l'insecte cible, sa production sur un hôte alternatif facile à élever, et le risque d'impact sur des espèces non cibles. L'Hyménoptère africain *Cotesia sesamiae*, parasitoïde de chenilles foreuses de plantes herbacées, présente des populations spécialisées sur la sésamie du maïs, *Sesamia nonagrioides*, qui sont donc potentiellement utilisables en lutte biologique contre ce ravageur présent en Afrique et en Europe. En comparant quatre populations du parasitoïde issues de différentes localités kenyanes, nous observons que toutes n'ont pas la même capacité de vaincre la résistance d'une population européenne de la sésamie. Nous analysons le succès reproducteur des deux populations parasitoïdes les plus contrastées, la « gagnante » étant caractérisée à la fois par une plus grande probabilité d'avoir une descendance, et de plus grande taille (plusieurs dizaines de descendants d'une même ponte se développent dans une chenille chez ce parasite grégaire). Les résultats de croisement suggèrent une dominance d'allèles de la population gagnante sur ces traits. Dans les chenilles, l'expression de deux gènes de virulence est également plus élevée après parasitisme par la population gagnante, ainsi que le nombre d'œufs pondus. Ce résultat suggère que la différence de virulence observée entre les deux populations parasitoïdes viendrait de leur comportement de ponte, hypothèse que nous venons de tester.

LUNDI 27 JUIN | 16H00

Effets des relations trophiques et des variables micro-climatiques sur la co-occurrence d'espèces de coléoptères fongicoles.

Fabien Laroche¹, Christophe Bouget¹, Antoine Brin²

¹Ecosystèmes forestiers (UR EFNO), Irstea, Nogent-sur-Vernisson, France. ²Dynamiques Forestières dans l'Espace Rural (DYNAFOR), Institut national de la recherche agronomique (INRA), UR1201, Institut National Polytechnique de Toulouse, Ecole Nationale Supérieure Agronomique de Toulouse, Toulouse, France.

Les patrons de cooccurrence d'espèces (c.a.d. la présence simultanée de plusieurs espèces au sein dans un même site) fournissent des indices indirects sur les processus d'assemblage des communautés d'insectes. Nous utilisons cette source d'information pour étudier une série de communautés de coléoptères fongicoles occupant des polypores (genre *Fomes*). Celle-ci de quantifier l'effet des variations microclimatiques entre polypores sur les cooccurrences, via leur effet de filtre sur les espèces localement présentes. Nous cherchons à distinguer ces effets environnementaux d'effets plus locaux sur les cooccurrences liées aux interactions entre espèces, telles que les relations de prédation. Nous introduisons cette composante trophique dans l'analyse en croisant les cooccurrences observées avec une base de données sur les traits fonctionnels pour les espèces concernées. L'exemple développé ici nous permet plus largement de discuter comment ce type d'étude indirecte à l'échelle de la communauté peut dialoguer avec des études plus directes de la biologie des espèces, pour caractériser le rôle des interactions trophiques et de l'environnement sur l'assemblage des communautés d'insectes.

LUNDI 27 JUIN | 16H20

Biodiversité de l'entomofaune dans trois types palmeraies au niveau de la région d'In Salah, Algérie

Karima Brahmi¹, Said Slimani¹, Rekia Ghourma², Salaheddine Doumandji³

¹Faculté des Sciences Biologiques et des Sciences Agronomiques, Université Mouloud Mammeri, Tizi Ouzou, Algérie. ²Université KASDI MERBAH Ouargla, Département d'Agronomie. ³Ecole Nationale Supérieure Agronomique d'El Harrache, Alger, Algérie.

Cette étude présente les résultats d'un inventaire de l'entomofaune au niveau de trois types de palmeraies dans la région d'In Salah (Sahara algérien). Notre aire d'étude appartient à l'étage bioclimatique saharien à hiver doux. Quatre méthodes d'échantillonnage ont été utilisées pour réaliser cet inventaire : pots Barber, filet fauchoire, quadrats des Orthoptères et captures direct. Ces méthodes ont permis d'échantillonner 4786 individus répartis en 2 embranchements, celui des Annelida et celui des Arthropoda. Ce dernier regroupe 4 classes, Crustacea, Chailopoda, Arachnida et Insecta qui est la classe la plus dominante, représentée par 11 ordres qui sont : Podurata, Hymenoptera, Coleoptera, Homoptera, Heteroptera, Lepidoptera, Orthoptera, Blattoptera, Mantoptera, Diptera, Dermaptera, Nevroptera, Thysanoptera et Odonata. L'ordre des Hymenoptera est le plus dominant. Il enregistre 1626 individus répartis en 41 espèces, regroupées en 11 familles dont celle des Formicidae qui est la plus importante.

LUNDI 27 JUIN | 16H40

Potential of insects as food and feed in assuring food security

Arnold van Huis¹

¹*Tropical entomologist Wageningen University, The Netherlands*

The need for alternative protein sources is urgent as available agricultural land is not sufficient to satisfy the growing demand for meat. To use insects as food and feed is a promising alternative and the interest worldwide to engage in it is growing exponentially. This is testified not only by the growing number of start-up companies, but also by the increasing number of published scientific articles. The attention is triggered by the many advantages that insects as food and feed have to offer in comparison to conventional meat and feedstuffs: low greenhouse gas emissions, high feed conversion efficiency, low land use, adequate nutritional quality and their ability to transform low value organic side streams into high value protein products. More than 2000 insect species are eaten mainly in tropical regions. However, there is now a lot of attention by companies in the western world to engage in developing nutritious insect-based food products. Recent consumer studies have indicated that it is possible to overcome the western insect food neophobia. Insects can also be used as feedstocks to replace the current used products such as fishmeal and soy, which are becoming increasingly expensive. The feed industry will require reliable huge quantities of these products, which should be of constant and safe quality. When legislation barriers in Europe and North America would be lifted to allow it not only as feed for pets and fish, but also for chickens and pigs, it can become a billion dollar industry. Industrial automated rearing facilities for a number of species are already being developed, and in particular for mealworms and Black Soldier Flies. Research needs to address nutritional benefits, food safety concerns, environmental impact, optimizing farming, consumer acceptance and gastronomy. Insects as food and feed have the potential of becoming an important new sector in the food and feed industry.

MARDI 28 JUIN | 09H00

A geographic perspective on the diversity, ecology and evolution of a fig wasp community

James M. Cook¹

¹Hawkesbury Institute for the Environment, Western Sydney University, Australia

Ficus species host diverse multitrophic fig wasp communities inside their fruits. Each fig species has 1-5 pollinator species, but may host far more non-pollinating wasps, including gallers, parasitoids and hyperparasitoids. Many studies have focused on fig wasp community structure at a local level, but many *Ficus* sp. have wide distributions and geographic studies are necessary to reveal the total wasp diversity and explore variation in community structure. Combining such field sampling with DNA barcoding, population genetics and molecular phylogeny also allows exploration of how fig wasp diversity has evolved, and how key species interactions (e.g. host-parasitoid) may be influenced at the landscape scale by ecological and genetic factors. We are addressing these issues using Australian fig species in the section Malvanthera, and especially in *Ficus rubiginosa*, which has a natural distribution of >2000 km running north to south along the eastern seaboard of Australia. We have detected about 25 wasp species on *F. rubiginosa*, some of which are cryptic species that require DNA barcodes to separate. Wide geographic sampling and DNA barcoding both contribute substantially to the revelation of diversity in this community. In addition, we have detected recurrent themes in wasp species distribution patterns that strongly suggest some underlying biotic and abiotic forces driving community composition and wasp speciation. At a finer level, we have focused on the key interaction between the pollinator wasp (*Pleistodontes imperialis* "sp.1") and its most common parasitoid, *Sycoscapter* "long". We co-sampled the two species at sites in six regions across the range of *F. rubiginosa* for comparative population genetic studies. *P. imperialis*, like some other pollinators of monoecious figs, shows very little genetic differentiation over several hundred kilometres in the southern part of its range. Perhaps more surprisingly, the data support *Sycoscapter* dispersal that at least matches that of the pollinator, suggesting high connectance across the landscape in both species. However, a difference arises at the widest landscape scale. The parasitoid is found throughout the host plant range, but the pollinator is absent from a central part (where other pollinator species are found). *P. imperialis* has disjunct north and south populations and these are genetically distinct. Gene flow therefore differs between pollinator and parasitoid at the landscape scale and this may influence both coevolution and speciation. Overall, we believe that integration of wide geographic sampling with field and molecular studies will bring much deeper understanding of ecology, diversity and evolution in fig wasp communities.

MARDI 28 JUIN | 09H40

Complexité de paysage chimique des grandes cultures : Perspectives des nouvelles méthodes de lutte contre les ravageurs

Ene Leppik¹, Magali Granger¹, Brigitte Frérot¹

¹*Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1392, Versailles, France.*

La plupart des insectes ravageurs des cultures localise leur plante-hôte grâce à des signaux chimiques émis par les plantes (Byers 2004). Chaque agrobiocénose génère un paysage chimique spécifique dans lequel les ravageurs naviguent (Leppik & Frérot 2012). Les adultes de la Pyrale du maïs ne vivent pas dans le maïs et s'accouplent dans les bordures herbacées. Le choix de la plante hôte incombe aux femelles fécondées qui retournent dans la culture pour pondre en début de nuit. Des tests en tunnel du vol ont confirmé le rôle essentiel de l'odeur de la plante hôte dans le processus de reconnaissance et d'acceptation. Les composées organiques volatiles (COV) émis par le maïs induisent une attraction vers plante-hôte et l'insecte est capable de discriminer l'hôte du non hôte. Les COV du maïs, ont été prélevés sur le terrain et comparés à ceux d'une forêt par la méthode de SPME, pendant le vol d'oviposition de la Pyrale du maïs. Les composants du paysage chimique ont été identifiés par GC-MS. Chaque biotope est caractérisé par un bouquet de COV spécifique constitué pour le champ de maïs de 18 produits et de 8 pour la forêt. Les COV pertinents pour la femelle fécondée ont été triés par la technique d'électroantennographie (EAG). Nos résultats montrent que les deux biotopes produisent des signatures chimiques spécifiques et que la reconnaissance de la plante par les insectes se fait sur la base de la détection d'un mélange spécifique d'un petit nombre de composé plutôt que par la détection de composés originaux (Bruce et al. 2005). Cette étude fournit des informations pertinentes sur la complexité du paysage odorant d'une agrobiocénose.

MARDI 28 JUIN | 10H00

Modification des récepteurs cholinergiques de type nicotinique par des doses sublétales d'imidaclopride chez la blatte *Periplaneta americana*.

Yassine Benzidane¹, Delphine Goven¹, Aly Abdella², Valérie Raymond¹

¹Récepteurs et canaux ioniques membranaires (RCIM), Faculté des Sciences, Laboratoire RCIM, Université d'Angers, Angers, France. ²Plant Protection Department, Faculty of Agriculture, Assiut University, Assiut, Egypt

Les insecticides néonicotinoïdes sont une classe d'insecticides utilisée pour contrôler les insectes ravageurs de cultures. Ces molécules miment l'effet de l'acétylcholine (ACh) en agissant comme des agonistes des récepteurs cholinergiques de type nicotinique (nAChRs) au niveau du système nerveux central des insectes. Suite à l'utilisation des néonicotinoïdes ces dernières années, des phénomènes de résistance ont été révélés chez beaucoup d'espèces. Ces phénomènes menacent d'une part l'agriculture et d'autre part la santé publique. Afin de comprendre les facteurs impliqués dans les phénomènes de résistance aux néonicotinoïdes, nous avons étudié les mécanismes d'adaptation développés suite à une exposition chronique à des doses sublétales de néonicotinoïde. Dans un premier temps, nous avons étudié la toxicité d'une molécule néonicotinoïde (l'imidaclopride) chez la blatte *Periplaneta americana*. Ensuite, l'effet d'une exposition chronique à une dose sublétales d'imidaclopride a été exploré sur neurones DUM (Dorsal Unpaired Median) de la blatte grâce à la technique électrophysiologique de patch-clamp, dans des conditions de potentiel imposé. Les premiers résultats obtenus montrent que cette exposition chronique peut modifier le profil pharmacologique des nAChRs au niveau des neurones DUM. En effet, une diminution de la sensibilité à l'imidaclopride des nAChRs a été mise en évidence. Dans un deuxième temps, nous avons montré en PCR quantitative que la diminution de la sensibilité des nAChRs pourrait avoir un lien avec une modification du niveau d'expression des différentes sous-unités qui composent ces récepteurs.

MARDI 28 JUIN | 10H40

Influence d'un phytovirus sur un système tri-trophique: approches physiologiques et comportementales.

Joffrey Moiroux¹, Quentin Chesnais¹, Fabien Spicher¹, Elise Verrier¹, Arnaud Ameline¹, Aude Couty¹

¹*Ecologie et Dynamique des Systèmes Anthropisés (EDYSAN), Université de Picardie Jules Verne, Amiens, France*

Les phytovirus constituent une cause majeure de pertes de rendement dans les cultures. Bien que leur dissémination soit fréquemment assurée par des pucerons vecteurs, leur influence au sein des systèmes plante-puceron-ennemi naturel, et notamment sur la physiologie et le comportement des seconds et troisièmes niveaux trophiques, n'a été que rarement étudiée. Récemment, il a été montré que la présence d'un parasitoïde dans l'environnement pouvait favoriser la dissémination d'un virus entre plantes via une augmentation des mouvements des pucerons attaqués. Nous avons testé l'hypothèse qu'un virus phytopathogène véhiculé par des pucerons puisse modifier l'attraction d'un parasitoïde par une plante et/ou des pucerons infectés, au sein d'un système d'étude constitué du virus persistant *Turnip Yellow Virus*, de la plante *Camelina sativa*, du puceron *Myzus persicae* et du parasitoïde *Aphidius colemani*. Nous avons également quantifié l'influence de ce virus sur les traits d'histoire de vie et traits physiologiques des plantes, pucerons et de leurs parasitoïdes. Les tests de choix réalisés en cage ont montré une attraction similaire des parasitoïdes pour des plantes témoins et virosées, et des taux d'attaque similaires sur pucerons virulifères ou sains. Ces résultats indiquent que ce virus n'affecte pas le comportement des parasitoïdes. Nous avons cependant observé une réduction de la taille, du taux de développement, de la fécondité et de la teneur en lipides lorsque les parasitoïdes se développent dans des pucerons virulifères. Cette réduction des traits liés à la fitness pourrait être expliquée par la plus petite taille des hôtes observée en présence du virus, elle-même expliquée par une activité photosynthétique et une taille réduites des plantes infectées. La présence du TuYV en agrosystèmes pourrait donc réduire le contrôle biologique des pucerons par les parasitoïdes, qui ne semblent pas rejeter des hôtes virulifères malgré une réduction importante de leur fitness lorsqu'ils se développent dans ceux-ci.

MARDI 28 JUIN | 11H00

Identification of effectors involved in the adaptation to the host environment in the leaf miner *Phyllonorycter blancardella*

Géraldine Dubreuil-Fabre¹

¹*Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France*

Phyllonorycter blancardella, a leaf-mining microlepidopteran of apple trees, establishes and maintains a permanent 'feeding area' (the mine) that constitutes the exclusive source of nutrients for its development. The endophytic larva interacts with its host-plant in a remarkable manner creating spectacular green and metabolically active areas in apple tree leaves known as 'green-islands' through cytokinin production by their endosymbiotic partners *Wolbachia*. This 'green island' phenotype is characterized by a strong manipulation of the host-plant physiology leading to modifications in plant development, morphology, nutrient availability and defenses to the advantage of the insect. In order to identify possible effectors involved in the manipulation of plant cell development and metabolism and in the control of the plant immune response, we combined transcriptomic and proteomic data. We prepared a reference transcriptomic database through assembly and annotation of sequences we obtained by MiSeq Illumina technology since no EST or mRNAs are available in public databases. Among the 20244 coding sequences, 297 sequences encode putative secreted proteins. To focus on effectors potentially delivered to the plant by the insect and/or by the symbiotic partner, we analyzed by LC1D-nanoESI- LTQ-Orbitrap-MS/MS protein content of insect salivary glands. By combining these two approaches we aim to identify key effectors that could be involved in the plant cell reprogramming.

MARDI 28 JUIN | 11H20

Dynamics and origin of cytokinins involved in plant manipulation by a leaf-mining insect

Hui Zhang¹, Géraldine Dubreuil¹, Antoine Guiguet¹, Elisabeth Huguet¹, Neil Emery², Anna Kisiala², Radomira Vankova³, David Giron¹

¹*Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France.* ²*Biology Department, Life & Health Science, Trent University, Peterborough, Canada.*

³*Institute of Experimental Botany, Praha, Czech Republic.*

Cytokinins (CKs) are key phytohormones in many plant-insect interactions, especially for plant manipulating insects such as gall-inducers and leaf miners. Biochemical and transcriptional changes in plant cells in contact with *Phyllonorycter blancardella* larvae show that CKs are accumulated in mined areas and that CKs are not produced by the plant. However, the origin and dynamics of CKs are still ambiguous. In order to fill this gap, we identified and quantified all types of CKs in green and yellow apple leaves in contact with the leaf-miner, including types of CKs that are specifically produced by symbionts (methylthio-CKs). Previous studies have demonstrated that insect bacterial symbionts are instrumental in this plant-insect interaction. HPLC-(ESI+)-MS/MS analysis revealed that there were four classical types of CKs (tZ, cZ, iP, DZ type CKs) but also their 2-methylthio-derivatives (2MeSZ and 2MeSZR) in both green and yellow leaves. Presence of bacteria-specific CKs comforts previous results suggesting that insect bacterial symbionts contribute to the observed phenotype. However, 2MeSZR were found in higher quantities in mines on green leaves but in lower amounts in mines on yellow leaves in comparison to their respective controls. Temporal distribution, show that mined areas are enriched in CKs both on green and yellow leaves. Composition differs between mines on green and yellow leaves with a larger amount of active forms in mine on yellow leaves. Spatial distribution of CKs within the leaf suggests the absence of CK translocation towards the insect feeding area, reinforcing our hypothesis that CKs accumulated in the mined area originate from the insect itself (most likely through their symbiotic association with bacteria). The strong reprogramming of the plant phytohormonal balance by the leaf-miner is associated with increased nutrient mobilization, inhibition of leaf senescence and mitigation of plant direct and indirect defense. We currently investigate the consequences of the plant manipulation in terms of plant indirect defenses by comparing the volatile compounds before and after the leaf-miner infestation. Our study confirm that CKs are key in this plant-insect interaction and part of the strategy used by insects and their endosymbiotic bacteria to manipulate the plant physiology.

MARDI 28 JUIN | 11H40

Rôle des cytokines MIF dans l'interaction Puceron-Plante

Elodie Naessens¹, Géraldine Dubreuil², Philippe Giordanengo¹, Olga Baron¹, Harald Keller¹, Christine Coustau¹

¹Institut Sophia Agrobiotech, UMR1355 INRA-CNRS-Université Nice-Sophia Antipolis, France. ²Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France.

Les pucerons sont des ravageurs majeurs responsables de pertes économiques importantes. Ces parasites de plantes évitent ou contrôlent les défenses de leur plante hôte par des mécanismes moléculaires qui sont actuellement encore peu élucidés. Nous avons récemment identifié une cytokine MIF (Macrophage Migration Inhibitory Factor) exprimée dans les glandes salivaires des pucerons *Acyrtosiphon pisum* et *Myzus persicae*. Des approches d'ARN interférence ont montré que sa sous-expression entraîne une forte perturbation du comportement alimentaire suivie d'une mortalité des pucerons. Les cytokines MIF étant connues chez les vertébrés comme des régulateurs majeurs des fonctions de défense, nous avons émis l'hypothèse de leur implication dans la manipulation des défenses de la plante hôte. Des expériences d'expression transitoire *in planta* de cette protéine salivaire ont montré qu'elle réprime de nombreuses réactions de défense de la plante telles que la production des dérivés réactifs de l'oxygène, l'apposition de callose, l'expression de gènes de défense, et la réponse hypersensible conduisant à la mort cellulaire. De plus, la protéine MIF semble déséquilibrer l'homéostasie des voies de signalisation hormonales impliquant l'acide jasmonique et l'acide salicylique, respectivement efficaces ou non dans la défense contre les pucerons. Nos résultats suggèrent que la cytokine salivaire est essentielle à l'exploitation de l'hôte par le puceron et que son rôle majeur est de réprimer les défenses de la plante.

MARDI 28 JUIN | 14H00

Les Entomologistes français et américains traversent l'Atlantique (1830-1940)

Yves Carton¹

¹*CNRS et Université Paris-Saclay, EGCE CNRS, Gif sur Yvette, France*

C'est l'histoire des relations tissées entre entomologistes français et américains sur plus d'un siècle qui est relatée. La biologie française a bénéficié de ces premiers contacts et échanges, sans aucun esprit de compétition à l'époque, mais au contraire avec le plaisir d'apporter au collègue son aide et ses connaissances. On voit alors se construire cet idéal d'internationalisation de la science. De 1830 à 1860, les entomologistes français ou américains veulent aller voir de l'autre côté de l'Atlantique. Pour les premiers, c'est avant tout le désir de découverte d'un territoire vierge. Pour les seconds, venir en France, c'est découvrir la communauté scientifique française et en quelque sorte être adoubée par elle. De 1860 à 1900, on saisit combien la présence américaine a permis de lutter contre ce désastre qui s'annonce pour la viticulture française, avec la découverte du phylloxera, ce puceron suceur des racines. Quelques entomologistes, français mais aussi américains, ont su avoir une approche visionnaire, en proposant la greffe de la vigne française sur des vignes américaines reconnues comme résistantes, et qui, paradoxalement, avaient apporté le mal. De 1900 à 1920, c'est la vogue de la lutte biologique contre les ravageurs de culture venus de l'autre continent. Ces échanges entre entomologistes leur ont permis de rechercher l'agent biologique le plus efficace pour son acclimatation sur le continent où sévit le ravageur introduit. De 1920 à 1940, période au cours de laquelle des biologistes un peu visionnaires, ont su percevoir la révolution qui se met en place dans les sciences biologiques en Amérique, en particulier la génétique, grâce à ce matériel exceptionnel qu'est la drosophile. On perçoit aussi la fracture qui s'installe peu à peu entre les deux communautés, celle de France se croyant encore profiter de ses succès du 19ème siècle.

MARDI 28 JUIN | 14H40

Analyse génomique et méta-analyse transcriptomique des protéines cuticulaires chez le puceron du pois *Acyrtosiphon pisum*

Natalia Guschinskaya¹, Yvan Rahbé¹

¹*Microbiologie, adaptation et pathogénie (MAP), UMR CNRS 5240, Université Claude Bernard - Lyon I (UCBL), Institut National des Sciences Appliquées [INSA], Villeurbanne, France*

Parmi les quatre composants majeurs de la cuticule des insectes, les protéines cuticulaires sont *a priori* le composant pouvant y porter le plus d'information génétique. Dans chaque génome d'insecte séquencé jusqu'ici, entre 100 et 300 protéines cuticulaires potentielles ont été décrites (CuPs). Parmi les territoires cuticulaires de l'exosquelette des insectes, les pièces buccales / orales forment un sous-ensemble relativement spécialisé aux propriétés physiques (dureté, structure) et biologiques (interactions microbiennes) bien marquées. Dans le cadre d'un projet sur les propriétés d'interactions microbiennes de certaines protéines cuticulaires de surface, nous analysons dans ce travail préliminaire les propriétés du protéome cuticulaire du puceron du pois *Acyrtosiphon pisum*. L'analyse génomique des protéines cuticulaires du puceron révèle un set relatif moyen (entre les minimas des hyménoptères et les maximas des moustiques), classiquement dominé par la classe archétype CPR. Une analyse compositionnelle nous a permis d'affiner la classification de cette dernière classe. Aucune structure de CuP n'a été décrite à ce jour, et cet objectif important, tant sur le domaine de liaison à la chitine que sur les autres domaines des protéines CPR, permettra sûrement de lever un verrou dans la compréhension de cette classe de protéines cuticulaires. Une méta-analyse des données transcriptomiques chez le puceron du pois et chez la *Drosophile* permet de révéler que les CuPs ne sont pas toutes d'expression strictement épidermique/cuticulaire, et que d'autres tissus d'origine non-ectodermique ont pu en capter l'expression pour des fonctions encore hypothétiques. Nous décrirons notre projet spécifique d'analyse transcriptomique, dans le cadre de l'étude des interactions entre le puceron vecteur et ses virus transmis.

MARDI 28 JUIN | 15H00

Perturber le choix des plantes-hôtes pour développer de nouvelles stratégies de protection des cultures

Fabrice Lamy¹, Denis Poinot¹, Sébastien Dugravot¹, Anne Marie Cortesero¹

¹UMR IGEPP (Institut de Génétique, Environnement et Protection des Plantes), Université de Rennes 1 – Agrocampus Ouest – INRA, 35042 Rennes Cedex, France.

Les composés organiques volatils (COVs) émis par les plantes sont impliqués dans différents processus d'orientation chez les insectes phytophages et jouent ainsi un rôle essentiel dans leur succès reproducteur. Identifier les COVs qui influencent le choix des plantes hôtes par ces insectes et les diffuser dans les champs ouvre de nouvelles perspectives de protection des cultures basées sur la manipulation comportementale des ravageurs. Ces composés volatils peuvent également influencer le comportement des ennemis naturels et augmenter, mais aussi perturber, le biocontrôle de ces ravageurs. Nous recherchons actuellement si des COVs peuvent être utilisés au champ pour limiter les infestations de la mouche du chou, *Delia radicum*. Cette mouche est un important ravageur des cultures de brassicacées pour lequel de nouvelles stratégies de contrôle doivent être développées dans le contexte de la réduction de l'usage des pesticides. Notre principal objectif est d'identifier des COVs qui pourraient être utilisés pour manipuler le comportement du ravageur et de ses ennemis naturels. Nous avons mis en place des expérimentations de terrain pour savoir si des composés volatils diffusés artificiellement pouvaient influencer l'attraction et l'activité des principaux prédateurs de la mouche du chou. Nous avons ensuite évalué si ces composés pouvaient impacter la ponte et les niveaux d'infestation en conditions de plein champ. Nos résultats indiquent que la diffusion artificielle de certains de ces COVs pourrait permettre la mise en place des stratégies de type 'push pull' efficaces réduisant les attaques de la mouche du chou dans les cultures de brassicacées légumières.

MARDI 28 JUIN | 15H40

Accessibilité accrue de la chromatine du chromosome X des individus mâles chez le puceron du pois

Gautier Richard¹, Nathalie Leterme¹, Julie Jaquiéry², Fabrice Legeai¹, Anthony Bretaudeau¹, Denis Tagu¹, Gaël Le Trionnaire¹

¹Institut de Génétique, Environnement et Protection des Plantes (IGEPP), Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1349, Le Rheu Cedex, France. ²UMR Ecobio (Ecobio), Université de Rennes I, Rennes, France.

Les pucerons comptent parmi les plus importants insectes ravageurs des cultures. Les femelles comportent deux chromosomes X tandis que les mâles n'en présentent qu'un (système XX/X0). Une telle hétérogamétie mâle entraîne un déséquilibre du nombre d'allèles des gènes portés par le X ainsi que de leur niveau de transcription entre sexes. Des mécanismes dits de « compensation de dosage » permettent de réguler ce déséquilibre en modulant l'accessibilité de la chromatine du chromosome X et en régulant le niveau de transcription des gènes selon le sexe, comme chez la *Drosophile* (système XX/XY) où la transcription des gènes du X des mâles est globalement doublée par l'augmentation de l'accessibilité de leur environnement chromatinien via notamment un enrichissement de la marque histone H4K16ac. Chez le puceron du pois, Jaquiéry *et al.* (2013) ont montré que pour un niveau d'expression similaire au niveau des autosomes, les gènes portés par le X des pucerons mâles étaient globalement plus transcrits que sur les deux X des femelles ce qui suggère une régulation globale de la transcription sur le chromosome X. Afin de vérifier si cette transcription accrue était associée à une plus grande accessibilité de la chromatine sur le X des mâles, nous avons utilisé la méthode du FAIRE-seq pour séquencer la chromatine ouverte d'individus mâles et femelles. Les analyses bio-informatiques ont montré que les régions chromatiniennes associées au TSS des gènes exprimés sur le chromosome X étaient significativement plus ouvertes chez les mâles que chez les femelles. Plus précisément, les gènes du X exprimés au même niveau chez les mâles et les femelles (donc potentiellement « compensés ») présentent également une ouverture de la chromatine au niveau de leur TSS significativement plus importante. Ces données suggèrent ainsi l'existence d'un système global de régulation de l'accessibilité de la chromatine sur le chromosome X du puceron.

MARDI 28 JUIN | 16H00

Evitement d'accouplement entre apparentés : une étude de terrain chez une guêpe parasitoïde

Marie Collet¹, Xavier Fauvergue², Sandrine Sauzet¹, Alexandra Auguste², Laurence Mouton¹, Emmanuel Desouhant¹

¹Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive (LBBE), UMR CNRS 5558, Université Claude Bernard - Lyon I (UCBL), INRIA, France. ²Institut Sophia Agrobiotech, UMR CNRS 1355-7254, Université Nice Sophia Antipolis, Institut National de la Recherche Agronomique – INRA, Institut Sophia Agrobiotech INRA, Sophia Antipolis, France.

Une idée reçue en écologie est que l'accouplement entre apparentés, produisant des descendants consanguins avec une moindre valeur sélective («inbreeding depression»), devrait être contre-sélectionné. Cependant, il s'avère difficile d'observer le phénomène d'évitement d'apparentés lors du choix du partenaire sexuel en conditions naturelles. De plus, plusieurs études vont à l'encontre de cette idée en montrant une préférence pour les individus apparentés («outbreeding depression»). Les hyménoptères avec une détermination du sexe dépendant d'un locus *sl-CSD* (single-locus Complementary Sex Determination) représentent une bonne opportunité pour tester cette hypothèse sur le terrain et comprendre les pressions de sélection sous-tendant ce phénomène. L'homozygotie sur ce locus mène à la production de mâles diploïdes qui, dans la grande majorité des espèces, sont non viables ou stériles. Par conséquent, l'accouplement entre individus portant le même allèle au *CSD*, et donc potentiellement apparentés, impacte négativement la valeur sélective des femelles et devrait mener, par sélection, à un évitement d'accouplement entre apparentés. Il a ainsi été montré en laboratoire un évitement partiel d'accouplements entre apparentés chez la guêpe parasitoïde *Venturia canescens*. Dans cette étude, je me suis intéressée au comportement d'accouplement d'individus issus de deux populations de *V. canescens*. Les individus capturés ainsi que leurs descendants ont été génotypés avec 18 marqueurs microsatellites. En calculant le taux d'apparentement entre les mâles et les femelles de ces populations naturelles, j'ai ainsi pu déterminer que la probabilité pour une femelle de rencontrer un apparenté était de 11%. De plus, la reconstitution du génotype du partenaire sexuel de chaque femelle ayant eu des descendants femelles a permis de calculer un taux réalisé d'accouplements entre apparentés qui s'avère également être de 11%. De ce fait, il semble qu'en conditions naturelles les femelles *V. canescens* pourraient tolérer l'accouplement entre apparentés, contrairement à ce qui avait été observé en laboratoire.

MARDI 28 JUIN | 16H20

L'habituation gustative chez la noctuelle *Agrotis ipsilon* et sa modulation par les phéromones sexuelles

Matthieu Dachet¹, Philippe Couzi¹, Camille Hostachy¹

¹Institut d'Ecologie et des Sciences de l'Environnement de Paris (IEES-Paris), Université Pierre et Marie Curie (UPMC), Institut national de la recherche agronomique (INRA), UMR CNRS 1392 UMR CNRS 1392 7618, Institut de recherche pour le développement [IRD] UMR211, Université Paris-Est Créteil Val-de-Marne (UPEC), Université Paris Diderot, Paris, France.

Les insectes intègrent différentes informations de l'environnement : présence d'aliments, de partenaires ... Certaines de ces informations déclenchent des réponses stéréotypées (comme par exemple les phéromones sexuelles) et d'autres peuvent l'être l'objet d'un apprentissage. Le cadre général de nos travaux est de décrire comment différentes informations sur la disponibilité de nourriture et la présence de partenaires sont intégrées par l'animal ; spécifiquement, si et comment les phéromones sexuelles modulent l'apprentissage. Pour cela, nous avons mis au point un protocole d'habituation chez la noctuelle *Agrotis ipsilon*. Il s'agit d'un apprentissage simple sur la disponibilité de la nourriture : l'animal cesse d'étendre sa trompe en réponse à une présentation d'eau sucrée s'il ne peut pas la consommer. Après avoir déterminé les conditions optimales pour observer l'habituation de façon reproductible, nous avons cherché à savoir si cet apprentissage (lié à l'alimentation) pouvait être modulé par une pré-exposition à des phéromones (liées à la présence de partenaires). Nous avons employé la phéromone sexuelle d'*Agrotis ipsilon* et le composé majoritaire de la phéromone sexuelle d'une espèce proche et sympatrique, *Agrotis segetum*. Ce composé est perçu par *Agrotis ipsilon* et inhibe sa réponse à sa propre phéromone. Présentée un jour avant l'entraînement des animaux, la phéromone sexuelle d'*Agrotis ipsilon* a rendu l'habituation plus difficile ; en revanche le composé d'*A. segetum* n'inhibe l'habituation qu'à court terme. En limitant à long terme l'habituation de la réponse alimentaire, la phéromone sexuelle permettrait de consacrer plus de temps ou d'énergie à l'alimentation car elle informe sur la présence potentielle d'un partenaire. En revanche, la présence d'une autre espèce empêcherait de s'habituer aux aliments en présence d'un compétiteur potentiel.

Ces travaux ont été financés par l'Agence Nationale de la Recherche (projet PhéroMod).

MERCREDI 29 JUIN | 09H00

Behavioral variation and its genomic basis in ants

Barbara Feldmeyer¹

¹*Senckenberg Biodiversity and Climate Research Center (KiK-F), Molecular Ecology, Frankfurt am Main, Germany*

Social insects are a prime example for intra- as well as inter-specific phenotypic variation. Within and between species, workers, and to some extent queens exhibit divergent phenotypes, characterized by different morphologies, life histories and behavior. We made use of species within the genus *Temnothorax* to investigate genes involved in caste differentiation within monomorphic workers, between workers and the queen, and finally also to determine genes responsible for behavioral differences between species and species divergence. We experimentally verified the existence of age dependent polyethism in *T. longispinosus* and identified genes which are involved in task specialisation irrespective of age. By means of RNA-knockdown we were able to verify and describe the function of one of the *vitellogenine* copies found in ants. Furthermore, we investigated six closely related slavemaker and host ant species which evolved different raiding and defence strategies. Based on transcriptome data from two behavioral states within as well as between species, we found that the raiding behavior of the slavemakers, as well as defence behavior of the hosts is not based on the same gene expression pattern, but rather species specific. This result is also mirrored by the identification of species specific selected genes belonging to different functions and pathways. These findings point to convergent rather than parallel trajectories in the evolution of the slavemaker lifestyle.

MERCREDI 29 JUIN | 09H40

Journey to the heart of termites' family life: An uncommon inner insight into nascent colonies

Lou Brossette¹, Anne-Geneviève Bagnères¹, Simon Dupont¹, Christophe Lucas¹

¹*Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France.*

In social insects, the foundation phase constitutes a bottleneck event and thus, a critical step for incipient colony development. If processes originating this survival pitfall are well studied in Hymenopteran, they remain unclear in termites. Indeed, their founding phase is difficult to observe as royal couples seal themselves in a nuptial chamber right after choosing a suitable nest site. In our study, we optimized a non-destructive apparatus permitting to observe the evolution of more than 150 incipient colonies weekly over six months after queen and king crossing. Two European species were here compared: the invasive *Reticulitermes flavipes* and the French native *R. grassei*. An overview of couple fitness proxies (egg laying rate, caste development and survivorship) and behavioral items of each caste (queens, kings and descendants) were obtained. These informations provide a complete insight of the foundation process and family life of these termites. Overall, four main results arised from data. A higher foundation success and a differential brood caring strategy were observed in incipient colonies of *R. flavipes*. Agonistic behaviors between queens and kings were higher in *R. grassei* 's. Moreover, investment of parents in nest upkeep differs in both species shedding light on a surprising paternal investment in reproductive success. An interesting correlation between fitness and behavioral data shaped from these results and varies between species. This suggests differential foundation strategies which may underlie their invasive and native status. To complete our understanding of subterranean termite foundation, further studies on foundations by neotenic reproductives (budding) would be of interest.

MERCREDI 29 JUIN | 10H00

Why does the foraging gene represent a major player regulating behavior in social insects?

Christophe Lucas¹, Michael Nicolas², Marius Bredon¹, Lou Brossette¹, Simon Dupont¹, Anne-Geneviève Bagnères¹, Charlotte Lecureuil¹, Laurent Keller³

¹Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France. ²Centro Nacional de Biotecnología (CNB), Department of Plants Molecular Biology, Madrid, Spain. ³Department of Ecology and Evolution (DEE), University of Lausanne, Lausanne, Suisse.

Complex behaviors emerged from interactions between genes and environment. Understanding how genes can modify or be modified by behaviors is of primary importance to study species adaptation to their habitats. Social insect polymorphism is a good example of such behavioral adaptation to social environment constraint. In this talk I will review, along with new results, the link between a candidate gene expression and three complex behaviors: foraging, defense and dispersion. Three different social insects were studied, *Pheidole pallidula* and *Solenopsis invicta* ants but also *Reticulitermes flavipes* termite. Our results show that the *foraging* gene controls defense and foraging activities and is negatively correlated to dispersion and aggressive behaviors in ants. Preliminary results on termites confirmed the evolutionary conservation of the *foraging* gene and its differential expressions according to castes. It also opens up opportunities for the study of the colonization and foundation processes of this xylophage pest. These results increase our knowledge of the role of *foraging* as a major player in regulating behavior responses to environmental change.

MERCREDI 29 JUIN | 10H40

Short- and long-term effects of maternal care on offspring personal immunity in earwigs

Fanny Vogelweith¹, Maximilian Körner¹, Susanne Foitzik¹, Joël Meunier²

¹*Zoological Institute, Evolutionary Biology, University of Mainz, Mainz, Germany.* ²*Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France*

The ecological success of species with family life is commonly attributed to the benefits parental care. Offspring profit from food provisioning and defense against predators. However, social life also comes with fitness costs to parents and offspring e.g. due to an increased risk of pathogen infection. Here, we experimentally test whether the presence of tending mothers shape offspring personal immunity in the European earwigs and whether this effect depends on the presence of pathogens and/or the developmental stage of the juveniles. To this end, we conducted a full-factorial experiment, in which a total of 80 clutches of juveniles were maintained either with or without their mother and either in the presence or absence of a pathogen in the environment. The immunocompetence (hemocyte concentration and phenol/prophenoloxidase enzyme activities) of the juveniles was then measured at each of their four developmental instars and at adulthood. Our preliminary results reveal that the pathogen altered juvenile immunocompetence. In contrast, the presence of a tending mother had surprisingly little effect on their immunocompetence. Finally, we found that the juveniles' immunity shifted during development, with higher hemocyte concentration in early compared to late stages, and higher phenoloxidase activities in the late compared to the early stages. Overall, maternal care appears to have limited effects on the individual immunity of juvenile earwigs. Possibly other mechanisms - such as social immunity - have emerged to limit the risks of pathogen infection in the context of family life.

MERCREDI 29 JUIN | 11H00

Earwigs don't give a shit: benefits of allo-coprophy in families of the European earwig *Forficula auricularia*

Maximilian Körner¹, Janina Mc Diehl¹, Joël Meunier²

¹Zoological Institute, Evolutionary Biology, University of Mainz, Mainz, Germany. ²Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France

Defecation is often considered as a pivot of waste disposal. However, recent studies emphasized that feces can also mediate a broad range of benefits for the producers and surrounding individuals, and can thus be crucial in the evolution of social life. For instance, a growing number of studies conducted in eusocial insects such as ants and termites show that feces can be used to fortify the habitat against microbes, to share food resources and to transfer mutualistic bacteria between group members. Here, we investigated the benefits of feces consumption (coprophagy) in the European earwig, *Forficula auricularia*. In this subsocial insect, mothers and juveniles have been shown to line their nests with feces and siblings to exchange food through allo-coprophy. In a first experiment, we tested whether access to feces produced by either nymphs or mothers affects nymph survival in both presence and absence of food. The results showed that access to sibling feces, but not mother feces, enhanced offspring survival under food deprivation. Such an effect did not occur when regular food was available. We then conducted a food choice experiment to test whether nymphs prefer food to feces, and if they discriminate between feces from their mother, unrelated adult females, unrelated nymphs, or their siblings. We found that offspring generally preferred regular food to feces, but nevertheless always consumed some feces. By contrast, nymphs showed no preference between related sibling or mother feces, and did not discriminate between feces from related and unrelated individuals.

MERCREDI 29 JUIN | 11H20

Dépression de consanguinité et signature chimique chez une espèce invasive, le frelon asiatique *Vespa velutina*.

Eric Darrouzet¹, Jérémy Gévar¹, Serge Aron², Anne-Geneviève Bagnères¹, Jean-Philippe Christides¹

¹Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France. ²Evolution Biologique et Ecologie, Université Libre de Bruxelles, Bruxelles, Belgique.

Le frelon asiatique *Vespa velutina nigrithorax* a été introduit accidentellement en France vers 2004. Depuis, l'espèce a envahi rapidement le territoire français et européen. Son expansion pose de nombreux problèmes : environnementaux (le frelon est un prédateur de nombreux insectes), économique (le frelon chasse les abeilles) et de santé publique (des décès ont été relevés suite à des piqures). Suite à son introduction, un phénomène de « bottleneck » génétique a été observé entraînant une homogénéité génétique de l'espèce en France (Arca et al, 2015) et un phénomène de dépression de consanguinité (Darrouzet et al, 2015). Dans ce cadre, nous nous sommes intéressés à la signature chimique (hydrocarbures cuticulaires) des frelons pour déterminer si celles-ci étaient aussi homogènes selon les colonies et les castes. Dans un premier temps, les hydrocarbures constituant cette signature chimique ont été identifiés en GC-MS. Dans un second temps, nous avons analysés cette signature selon la nature et l'origine des individus. Malgré l'homogénéité génétique, les insectes présentent une forte hétérogénéité de leur signature chimique. Elle est spécifique du sexe, de la caste et de l'origine coloniale. Ces différences de signatures chimiques portent principalement sur des aspects quantitatifs.

MERCREDI 29 JUIN | 11H40

Female contests and competitor-driven clutch size adaptation in a specialist coleopteran parasitoid

Mikaël Bili M^{1,3}, Anne Marie Cortesero AM^{1,3}, Marlène Goubault², Denis Poinsot^{1,3}

¹Université Rennes 1, UMR1349 IGEPP, F-35000 Rennes, France. ²Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France ³Université Européenne de Bretagne, France

Interference competition is widespread among animals like mammals, birds or insects. Parasitoids are insects that feed and develop at the expense of other arthropods, which they kill in the process. The effects of competitive interactions on feeding, behavior and oviposition have been widely studied in hymenopteran parasitoids. However, these questions have received very limited attention in other groups of parasitoids such as coleopterans despite the fact that they exhibit very distinct biological traits in nutrition (parasitoid coleopterans are predators) and egg laying (coleopterans do not have ovipositors and lay their eggs at some distance from their hosts). Here, we studied the impact of the presence of competitors on clutch size, predation rate and aggressive behavior of females of *A. bilineata*, a specialist coleopteran parasitoid. *Aleochara bilineata* females compete for hosts with conspecifics but also with females of *A. bipustulata*, a more generalist species. In laboratory choice experiments, females laid more eggs in sites without competitors than in sites where conspecific or heterospecific competitors were present. Moreover, when given the choice, *A. bilineata* females laid more eggs in presence of heterospecific competitors when conspecific competitors were present. *Aleochara bilineata* females displayed aggressive behaviors when encountering competitors in oviposition sites where they had already spent 24 hours. Intraspecific contests were more intense than interspecific ones but aggressive behaviors could not be related to egg load or to the number of larvae found at the end of the experiments. Adjustment of behaviors and oviposition site choices are discussed in terms of the optimal choices made by specialist females and their coexistence with a more abundant and generalist competitor, *A. bipustulata*.

MERCREDI 29 JUIN | 14H00

Sperm storage and sperm management constrain sex ratio manipulation in a parasitoid wasp, *Nasonia vitripennis*

Marlène Chirault¹, Christophe Bressac¹, Marlène Goubault¹, Charlotte Lecureuil¹

¹*Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France*

Female sperm storage is common among organisms with internal fertilization. Although there are many reports on both the occurrence of female sperm storage and its adaptive benefits, few studies have been directed toward explaining the mechanisms involved to store and release sperm. Here we show the sperm use and sex allocation strategies in sperm-limited females in *Nasonia vitripennis*, a parasitoid wasp. In this haplodiploid species females apparently determine sex by deciding whether to fertilise an egg (and produce a diploid daughter) or not (and produce a haploid son). We have shown that independently of sperm stored in spermatheca, females produced a similar number of offspring during their lifetime. Nevertheless, sex allocation in *Nasonia vitripennis* was influenced by a threshold effect in quantity of sperm stored in spermatheca. Our work highlights that sex allocations were modulated differently in function of sperm storage quantity in female spermatheca.

MERCREDI 29 JUIN | 14H20

Le contrôle génétique de la perte du sexe dévoilé chez le puceron du pois

Jean-Christophe Simon¹, Julie Jaquiéry²

¹*Institut national de la recherche agronomique (INRA) de Rennes, Le Rheu, France.* ²*UMR Ecobio (Ecobio), Université de Rennes I, Campus de Beaulieu, Rennes, France.*

Même si la reproduction sexuée est le mode de reproduction dominant chez les eucaryotes, la perte du sexe n'est pas un évènement rare puisque des lignées asexuées sont observées dans la plupart des grands groupes du vivant. Ces organismes asexués ont un potentiel évolutif plus réduit que ceux utilisant le sexe pour se reproduire. Cependant, les lignées asexuées présentent des capacités de multiplication et de colonisation de nouveaux milieux qui sont souvent bien supérieures à celles des lignées sexuées. Comprendre les mécanismes par lesquels les lignées asexuées sont formées représente un enjeu fort pour appréhender leur succès écologique et leur trajectoire évolutive. Les pucerons constituent un bon modèle pour appréhender ces questions puisqu'ils comprennent souvent des lignées sexuées et asexuées au sein d'une même espèce. Nous présentons ici les résultats d'une étude sur le puceron du pois chez lequel existe un polymorphisme du mode de reproduction. En combinant des comparaisons du génome de lignées sexuées et asexuées et des approches de recherche de QTLs, nous avons montré qu'une petite région du génome, située sur le chromosome X est responsable de la perte du sexe chez les lignées asexuées de cette espèce, l'asexualité étant un caractère récessif. L'analyse de données de re-séquençage en pool de populations sexuées et asexuées a permis de mieux la délimiter et d'en caractériser le contenu en gènes. L'étude de la structure des populations de ce puceron à l'échelle de la France a par ailleurs révélé un important flux de gènes entre lignées sexuées et asexuées, à l'exception de la région génomique d'intérêt. L'ensemble de ces résultats indiquent l'existence chez les pucerons d'un système génétique original qui favorise l'émergence continue de nouvelles lignées asexuées, expliquant ainsi la persistance de la reproduction asexuée au niveau de l'espèce.

MERCREDI 29 JUIN | 14H40

Cotesia congregata a les plus petits spermatozoïdes du monde

Christophe Bressac¹, Ahmed El Sabrout², Rustem Uzbekov³, Jean Michel Drezen¹

¹Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France. ²Université d'Alexandrie, Alexandrie, Egypt. ³Microscopie électronique (Plateforme), UFR médecine, Université François Rabelais de Tours, France.

Parmi les insectes, la longueur des spermatozoïdes est plus diverse que chez les vertébrés. Le plus long est celui de *Drosophila bifurca*, il mesure 6cm et est enroulé en pelotes fabriquées avec parcimonie (environ 80 par éjaculat) par un mâle 15 fois moins long que ses propres gamètes. A l'autre extrémité, le plus court semble être celui de la guêpe parasitoïde *Cotesia congregata*, connue pour ses virus immunosuppresseurs intégrés au génome, mais jusqu'à présent non décrite pour ses spermatozoïdes. Mesurant environ 7 μm , soit 8600 fois moins que celui de *D. bifurca*, ce gamète hors norme a une organisation classique pour un insecte : un flagelle apparemment fonctionnel (motile), un noyau étiré et un acrosome. Le flagelle est plus court que le noyau. De nombreuses hypothèses liées à la sélection sexuelle associent l'évolution des spermatozoïdes à des contraintes post copulatoires, la compétition spermatique en tête. Une étude comportementale et un suivi de la descendance sont en cours pour décrire le mode d'accouplement des mâles et des femelles chez *Cotesia congregata*. Au niveau anatomique, le développement de cette cellule particulière peut être suivi dans le testicule. En effet, contrairement à la majorité des insectes males, *Cotesia congregata* a une spermatogenèse continue, au moins pendant les premiers jours de la vie imaginaire. On retrouve donc dans le testicule d'un mâle jeune tous les stades de différenciation, des spermatides rondes aux spermatozoïdes matures. Le testicule est un petit organe transparent, les noyaux des cellules germinales sont visibles après coloration. Contrairement à la majorité des insectes, les flagelles très courts ne perturbent pas la stratification des stades de la spermiogenèse. Le génome haploïde des mâles d'hyménoptères simplifie les approches chromosomiques. Cela en fait un modèle pour étudier *in situ* la gamétogenèse mâle et la comparer avec des espèces dont les spermatozoïdes sont plus longs.

Posters



Poster | 1

Impact du glyphosate sur l'apprentissage chez les larves d'*Aedes aegypti*

Hugo Baglan¹, Claudio Lazzari¹, Fernando Guerrieri¹

¹*Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France.*

Le glyphosate est l'herbicide le plus utilisé dans le monde, ces dernières années le nombre d'études dévoilant des effets négatifs du glyphosate sur espèces non cibles est en augmentation. Nous avons étudié l'impact du glyphosate, à des doses réalistes, sur l'apprentissage et la mémoire chez les larves de moustique *Aedes aegypti*. L'objectif principal était de tester l'impact du glyphosate sur l'habituation et la mémoire des larves. Nous avons mis en place un bioessai entièrement automatisé permettant de tester les larves individuellement et en contrôlant tous les paramètres d'apprentissage. L'habituation a été induite par la répétition de stimulations visuelles. On a observé une rétention de 1 h. L'exposition au glyphosate diminue l'intensité de l'habituation. Les effets sur la mémoire n'ont pas été observables. Cela met en évidence des effets du glyphosate sur le système nerveux central de la larve de moustique. Ce protocole expérimental ouvre la voie à d'autres études pour comprendre comment le glyphosate, ou d'autres agents xénobiotiques, altèrent les capacités d'apprentissage des larves de moustique. La larve de moustique sert donc de bioindicateur de présence d'agents neurotoxiques dans l'eau.

Poster | 2

Effet des cultures en association sur la pression parasitaire et la régulation par les ennemis naturels

Florent Bogaert¹, Pauline Lebecque², Quentin Chesnais¹, Pierre Menu³, Géraldine Doury¹, Vincent Leroux¹, Arnaud Ameline¹, Aude Couty¹,

¹Écologie et Dynamique des Systèmes Anthropisés, Université de Picardie Jules Verne, Amiens, France.

²Clinique du Végétal, FREDON de Picardie, Amiens, France. ³Chambre Départementale d'Agriculture de la Somme, Chambre d'Agriculture, Amiens, France.

Cropping systems based on carefully designed plant species mixtures reveal many potential advantages such as (1) yield improvement, (2) better control of pests and diseases, (3) enhanced ecological services and (4) greater economic profitability. The objective of this field study was to evaluate the effect of the faba bean-camelina association on the regulation of pest populations and the effectiveness of parasitoids. The trapping data have identified five main species of aphids (*Aphis fabae*, *Brachicaudus hellicrisi*, *Cavariella aegopodii*, *Macrosiphum euphorbiae* and *Myzus persicae*). The study shows no impact of the association *Vicia faba* / *Camelina sativa* on the pressure exerted by *Aphis fabae* (representing 99% of aphids on plants identified) or the efficacy of parasitoids. The observations within the association show that the camelina plant can be used as a refuge or relay for *A. fabae*, especially since these aphids are subject to little or no parasitism when they develop on this plant.

Coûts métaboliques de l'accès aux hôtes chez la guêpe parasitoïde *Eupelmus vuiletti*

Romain Boisseau^{1,2}, Art Woods³, Marlène Goubault¹

¹Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France. ²Ecole Normale Supérieure, Ecole Normale Supérieure (ENS), Paris, France. ³Division of Biological Sciences, University of Montana, USA.

Les études théoriques en écologie comportementale et notamment en théorie des jeux utilisent les rapports coûts-bénéfices pour comprendre comment ceux-ci façonnent l'évolution des comportements. Les principales contraintes associées à un comportement sont le plus souvent des contraintes en termes de temps et d'énergie, bien que beaucoup de comportements puissent aussi entraîner des coûts à d'autres niveaux. Tandis qu'il est souvent aisé d'estimer le coût en temps d'un comportement, les études s'intéressant également aux autres coûts potentiels et notamment métaboliques sont plus rares. Pour un organisme, les coûts associés aux comportements reproducteurs comme l'attraction d'un partenaire, la construction d'un nid ou les soins parentaux sont souvent difficiles à estimer et dans la plupart des cas s'avèrent élevés. Chez les guêpes parasitoïdes, l'accès aux sites de ponte (hôtes) peut être couteux, surtout lorsque les hôtes ont élu domicile dans des endroits difficiles d'accès comme l'intérieur d'une graine. En utilisant *Eupelmus vuiletti* comme espèce modèle et un système de respirométrie de flux, nous avons cherché à estimer l'importance des contraintes énergétiques sur l'évolution des comportements permettant l'accès aux hôtes par les femelles. Nous avons estimé les coûts métaboliques liés à l'oviposition de la femelle et notamment au forage à travers les graines qui contiennent l'hôte. L'accès à l'hôte peut également être contraint par la présence de compétitrices. Nous avons également cherché à évaluer le coût métabolique des comportements agressifs entre femelles et l'influence de leur taux métabolique de base sur leur probabilité de victoire.

Inventaire sur la faune pollinisatrice associée à la phoeniciculture dans les oasis de Birsakra (Algérie)

Fella Bouti¹, Mohamed Laid Berkani², Salaheddine Doumandji¹

¹Laboratoire de zoologie, ENSA, El Harrach, Alger, Algérie. ²laboratoire de production animale, ENSA El Harrach, Alger, Algérie.

Cette étude est menée pendant la période allant de juillet 2014 jusqu'au mois de Décembre 2015, sur la diversité des insectes floricoles qui assurent la pollinisation dite entomophile, dans la palmeraie expérimentale de l'ITDAS de Biskra. Le groupe des Apoïdes (Hymenoptera, Apoidea) est le plus représenté avec 5 familles, 10 genres et 13 espèces. Ces 5 familles sont ; Les Apidae avec une abondance de 41,7 %, représentées par les genres *Apis*, *Anthophora*, *Eucera*, et *Xylocopa*. Parmi les Halictidae (22,0 %) il y a les genres *Halictus* et *Lasioglossum*. La famille de Colletidae (13.6 %) est représentée par un seul genre *Colletes*. Les Andrenidae correspondent à 13 % des espèces capturées, avec un seul genre *Andrena*. Les Megachilidae (9.7 %) sont présents par 2 genres, *Megachile* et *Osmia*. Les autres espèces de pollinisateurs se répartissent sur 4 ordres d'insectes, Diptera, Hemiptera, Lepidoptera et Coleoptera. La diversité des espèces échantillonnées se rapproche de la valeur maximale avec une valeur de l'indice de Shannon-Weaver égale à 5,1 bits et une équitabilité de 0,91.

Poster | 5

Biodiversité des culicidés dans la région de Tizi-Ouzou

Karima Brahmi¹

¹*Faculté des Sciences Biologiques et des Sciences Agronomiques, Université Mouloud Mammeri, Tizi Ouzou, Algérie.*

L'inventaire des culicidés dans la région de la Kabylie nous a permis de recenser 5044 individus réparties sur 28 espèces de Culicidae et 4 genres. Ainsi le genre *Aedes* comporte 8 espèces. En outre l'étude sur la morphométrie sur les ailes de *Culex pipiens* indique la forme et la taille des ailes varient en fonction de l'altitude, ainsi les différents indices montrent que *Culex hotensis* est la plus abondante dans la région de la Kabylie avec 2124 individus et la station de Taksebt est la plus riche en espèce avec 24 espèces. Ainsi 10 espèces vectrices de parasitose sont recensées, et trois nouvelles espèces non signalées en Algérie ont fait leurs apparitions, en outre on affirme la présence de *Culex territans* par génitalia. Enfin, nous avons développé la bio-écologie de quelques espèces ayant un intérêt médico-vétérinaire.

Inventory of common pests of tomato in the region of M'Rara (Djamaa, El Oued; Algeria)

Karima Brahmi¹, Said Slimani¹, Meriem Bellabidi², Hamid Achour³, Salaheddine Doumandji⁴

¹*Faculté des Sciences Biologiques et des Sciences Agronomiques, Université Mouloud Mammeri, Tizi Ouzou, Algérie.* ²*Faculté SNV, Département d'Agronomie, Université KASDI Merbah, Ouargla.* ³*Clause Vegetable Seeds Algeria.* ⁴*Département de Zoologie Agricole, ENSA El Harrach, Alger.*

The current study deals with common tomato pests in the region of M'Rara (Djamaa, Algeria). The study area is located in Chebbeh, characterized by a Saharan bioclimate with a mild winter. The sampling strategy integrated five different techniques, which are the pitfall trapping (Barber pots), the sweep nets sampling method, the quadrat technique, the colored pan traps and the direct capture. The most efficient method was the pitfall trapping, which allowed collecting 99 species belonging to 6 classes. Besides, we collected 77 species (2 classes) using the sweep nets, 27 species (2 families) thanks to the quadrats, 48 species (4 classes) with colored traps and 52 species (2 classes) were captured directly. Moreover, the damages caused by *Tuta absoluta* on tomato leaves and the mites and aphids outbreaks were assessed.

Interactions between phytovirus and aphids vectors can be modulated depending on vector transmission efficiency.

Quentin Chesnais¹, Aude Couty¹, Maryline Uzest^{2,3}, Véronique Brault⁴, Arnaud Ameline¹

¹Ecologie et Dynamique des Systèmes Anthropisés (EDYSAN), Université Picardie Jules Verne, Amiens, France. ²Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD), Paris, France. ³Institut national de la recherche agronomique (INRA), UMR BGPI, Montpellier, France. ⁴Santé de la Vigne et Qualité du Vin (SVQV - INRA-UDS), Institut national de la recherche agronomique (INRA) : UMR1131, Colmar Cedex, France.

Vector-borne viruses can induce changes in the phenotype of their host plants that may in turn influence the frequency and nature of host–vector interactions. Manipulation of vector behaviour by phytoviruses usually facilitates their propagation and seems to converge according to the virus transmission mode. However, to our knowledge, this convergence has never been related to the vector transmission efficiency. We investigated the effects of infection of *Camelina sativa* by the persistent *Turnip Yellow Virus* and the semi-persistent *Cauliflower Mosaic Virus* on (i) arrestment and dispersal, (ii) feeding behaviour (using electropenetrography) and (iii) physiology of two aphid species: the polyphagous *Myzus persicae* and the Brassicaceae specialist *Brevicoryne brassicae*. Results showed TuYV-infected camelina induced positive effects on the feeding behaviour and physiology of *Myzus persicae*, a vector with high transmission efficiency; but induced negative effects on *Brevicoryne brassicae*, a poor vector of TuYV. CaMV-infected plants had similar effects on both aphid species showing equivalent transmission efficiency for this virus. In conclusion, viral manipulation of vector behaviour is likely to depend not only on the virus mode of transmission, which is generally considered as a common assumption, but also on the aphid transmission efficiency.

La résolution des conflits chez *Eupelmus vuilleti* (Hymenoptera : Eupelmidae)

Mylène Exbrayat¹, Ryan Earley², Marlène Goubault¹

¹Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France. ²Department of biological sciences, Tuscaloosa, USA

Lorsque deux individus sont en compétition pour acquérir une ressource, différents facteurs peuvent influencer l'issue du combat. L'asymétrie de la capacité de combat, souvent liée à la différence de poids ou de taille, entre les compétiteurs est largement connue. De plus, la valeur placée dans la ressource peut être différente d'un individu à l'autre. Par exemple, un individu affamé ou privé de nourriture peut placer une valeur plus importante dans la nourriture par rapport à un opposant repu. Un autre facteur influençant la résolution des conflits est la pré-expérience de combat. Gagner un combat augmenterait, et perdre diminuerait, la probabilité de gagner le conflit suivant. Chez les guêpes parasitoïdes *Eupelmus vuilleti*, les femelles se battent pour l'obtention d'un hôte sur lequel elles pondent un œuf. Les facteurs influençant la valeur que les femelles placent dans la ressource telle que leur charge en œufs ou la disponibilité en hôte sont connus pour influencer fortement l'issue du combat. En effet, les femelles ayant une charge en œufs matures plus élevée gagnent davantage les conflits, de même, les femelles ayant connu une disponibilité faible en hôtes gagnent plus souvent les conflits que celles qui ont eu préalablement accès à de nombreux hôtes. De plus, un effet gagnant, sans effet perdant a été trouvé, seules les femelles ayant gagné un précédent conflit gagnaient plus le suivant. Cette étude vise à comprendre les effets relatifs de ces différents paramètres sur l'issue des conflits lorsqu'ils sont pris en compte simultanément.

Recherche de nouvelles molécules répulsives contre *Aedes aegypti*.

Fradin Kévin¹, Claudio Lazarri¹

¹*Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France.*

Les maladies transmises par les insectes hématophages causent plusieurs millions de morts chaque année. C'est notamment le cas du moustique *Aedes aegypti*, transmettant plusieurs maladies telles que la dengue, le virus Zika, la fièvre jaune ou encore le Chikungunya. De nombreuses méthodes sont mises en places pour limiter la transmission de ces maladies comme l'utilisation d'insecticides ou le relâchement soutenue de mâles stériles dans les populations afin de réduire le nombre d'individu (SIT : *sterile insect technique*). Une des manières les plus efficaces d'éviter la transmission de parasites à l'heure actuelle reste cependant la protection personnelle en utilisant des répulsifs pour les limiter les piqûres d'insectes. Actuellement le DEET (N,N-Diéthyl-3-méthylbenzamide), un produit chimique synthétique, reste l'étalon d'or des produits repoussant les hématophages. Cependant, plusieurs études lui attribuent des effets nocifs sur l'homme et sur l'environnement. De ce fait, la recherche de nouveaux répulsifs moins toxiques et polluants c'est énormément développé lors des dix dernières années. Dans cette optique nous avons recherché de nouveaux produits répulsifs efficaces contre *Aedes aegypti* ainsi qu'à comprendre comment fonctionnent ceux-ci. Nous avons pu montrer que le méthyl-jasmonate, le méthyl-anthranilate et l'éthyl-aminobenzoate sont des produits avec un potentiel répulsif important et agissant même sans la présence de l'hôte, en dévoilant ainsi une action directe sur le système sensoriel de l'insecte.

Poster | 10

An endoparasitoid can parasitize the yellow-legged hornet, *Vespa velutina nigrithorax*, and could help limit the spread of this invasive hornet in Europe.

Jérémy Gévar¹, Simon Dupont¹, Marianne Coquet¹, Julie Laumond¹, Eric Darrouzet¹

¹*Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France.*

The yellow-legged hornet, *Vespa velutina nigrithorax*, was accidentally introduced into southwestern France in 2004. Since then, the species has spread to other European countries. This invasive hornet preys on other insects. It is also a serious pest in honeybee colonies and thus affects beekeeping operations. Different hypotheses have been proposed to explain the relative success of different invasive species. Some have focused on the relationship between invasive species and their parasites. We have identified a locally occurring endoparasitoid, the Conopidae fly *Conops vesicularis*, which parasitizes *V. velutina* queens. Once parasitized, the queens die in a matter of days and, consequently, their colonies fail. This parasite might thus be able to limit the spread of *V. velutina* across Europe

Evaluation du contrôle biologique naturel des ravageurs en culture de tomates sous abri en Polynésie française

Julie Grandgirard¹, Laura Hartmann¹, Maurice Wong¹

¹Département de la Recherche Agronomique, Service du Développement Rural (SDR), Papeete, Polynésie française.

L'aleurode du tabac *Bemisia tabaci* (Hemiptera : Aleyrodidae) et la mouche mineuse *Liriomyza sativae* (Diptera : Agromyzidae) sont des ravageurs importants des cultures de tomates à travers le monde. En Polynésie française, le climat tropical favorise la multiplication de ces ravageurs et la pression parasitaire est extrêmement importante, notamment en culture de tomates sous abri. La lutte chimique conventionnelle est largement utilisée pour contrôler ces ravageurs. Dans la perspective du développement d'une agriculture durable en Polynésie française et suite à l'apparition du virus TYLC (Tomato Yellow LeafCurl) dont le vecteur est *B. tabaci*, une étude a été menée afin d'évaluer le contrôle biologique opéré par les auxiliaires naturellement présents sur les populations de *L. sativae* et *B. tabaci*. Les populations de ravageurs et d'auxiliaires ont été suivies en 2015 et 2016 dans des cultures raisonnées de tomates sous abri. Des pièges chromatiques ont été utilisés pour évaluer l'abondance des ravageurs et des auxiliaires, des prélèvements de feuilles de tomates ont également été réalisés avec élevage en laboratoire des ravageurs parasités afin d'identifier les parasitoïdes et mesurer leur pourcentage de parasitisme. Les résultats ont montré que les populations de *L. sativae* sont contrôlées efficacement par les parasitoïdes *Dygliphus minoeus* (Hymenoptera : Eulophidae) et *Gronotoma micromorpha* (Hymenoptera : Eucoilidae). *Bemisia tabaci* est attaquée par les parasitoïdes *Encarsia protransvena* et *E. sophia* et par la punaise *Nesidiocoris tenuis* (Heteroptera : Miridae) qui assurent un contrôle assez efficace de cet aleurode. Ces premiers résultats sont encourageants et offrent des perspectives de développement de nouvelles méthodes de lutte contre la mouche mineuse et l'aleurode du tabac en Polynésie française, notamment au travers de la conservation des auxiliaires indigènes.

Suivi d'une espèce invasive en France, le frelon asiatique *Vespa velutina nigrithorax*, par les sciences participatives SPIOLL

Coralie Guerry¹, Stéphanie Bankhead-Dronnet¹, Cécile Vincent-Barbaroux¹, Quentin Rome², Claire Villemant², Colin Fontaine³, Mathilde Baude¹

¹Laboratoire de Biologie des Ligneux et des Grandes Cultures, Université d'Orléans, Orléans, France.

²Muséum National d'Histoire Naturelle, ISYEB - UMR 7205 – CNRS, Université Pierre et Marie Curie, École Pratique des Hautes Études, Paris, France. ³Muséum National d'Histoire Naturelle, Centre d'Ecologie et des Sciences de la Conservation, Paris, France.

Certaines espèces invasives représentent une cause majeure de perte de biodiversité. Originaire de Chine, le frelon asiatique ou frelon à patte jaunes *Vespa velutina nigrithorax* (Lepeletier, 1836) a été introduit accidentellement en France au début des années 2000 (Arca *et al.* 2015). Prédateur d'insectes, il s'attaque particulièrement à l'abeille domestique, causant ainsi des dommages en apiculture (Villemant *et al.* 2006). À ce jour, nous ne connaissons pas son impact sur la biodiversité des insectes pollinisateurs, et tentons de mieux le comprendre dans le cadre du projet d'intérêt régional FRELON2 (porté par E. Darrouzet IRBI UMR 7261). Nous avons d'abord cherché à retracer les dynamiques spatio-temporelles de cette espèce en utilisant les données issues des sciences participatives SPIOLL (Suivi Photographique des Insectes POLLinisateurs). Lancé en 2010 par le MNHN, ce programme consiste à photographier et à identifier les insectes visitant une plante en fleurs pendant une période définie (<http://www.spipoll.org/>). Le frelon asiatique visite des fleurs qu'il utilise comme source glucidique (nectar) et comme site de prédation (insectes floricoles). Nos résultats révèlent que le SPIOLL permet de retracer partiellement ses dynamiques spatio-temporelles. Une pression d'échantillonnage de SPIOLL inégale sur le territoire, une variation dans l'abondance des nids par département, ainsi que la probabilité de présence estimée par un modèle de niches (Villemant *et al.* 2011) sont autant de facteurs qui influencent la capacité de détecter cette espèce par SPIOLL. Ensuite, nous avons estimé que la compétition entre frelons asiatique et européen n'était pas à exclure car les indices de recouvrements de niches temporelles étaient élevés. Enfin, en comparant les proies réellement capturées par le frelon asiatique en Dordogne et les insectes floricoles présents dans le milieu, nous cherchons à expliquer les variations saisonnières du régime alimentaire de cette espèce en fonction de la disponibilité des proies et de son comportement de prédation.

Les Gracillariidae : un groupe d'intérêt pour l'étude de l'évolution du mode de vie galligène

Antoine Guiguet^{1,2}, Carlos Lopez-Vaamonde^{1,3}, Issei Ohshima², David Giron¹

¹Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France, ²Department of Life and Environmental Sciences, Kyoto Prefectural University, Sakyo, Kyoto, Japan, ³Institut national de la recherche agronomique (INRA), UR0633 Zoologie Forestière Orléans, France

Les galles induites par des arthropodes constituent un des exemples les plus spectaculaires de détournement de la physiologie et de l'anatomie végétale par un parasite. Au cours de l'évolution, cette capacité à manipuler profondément le développement des plantes est apparue de nombreuses fois dans divers ordres d'insectes. Price (1987) propose une évolution du mode de vie galligène à partir du mode de vie mineur de feuille, lui aussi endophyte. La famille des Gracillariidés (Lepidoptera) regroupe des microlépidoptères en grande majorité mineurs de feuille. Sur la base des hypothèses de Price et dans la perspective de comprendre l'évolution du mode de vie galligène, nous étudions l'histologie des structures végétales attaquées par des Gracillariidae. Nos premiers résultats tendent à montrer que l'aptitude à induire des galles dans cette famille a été sous-estimée et qu'elle est partagée par des espèces éloignées phylogénétiquement. D'autre part, l'évolution de ce mode de vie au sein du genre *Caloptilia* pourrait avoir conduit à une radiation évolutive parmi les espèces vivant sur les plantes du genre *Glochidion*. Dans le but d'identifier les processus moléculaires impliqués dans l'induction de ces galles nous mettons en place une étude de la dynamique de l'histologie de la galle de *Caloptilia cecidophora* sur *Glochidion obovatum* ainsi qu'une étude transcriptomique comparative double sur cette espèce, entre deux stades larvaires d'une même espèce (galligène et mineur) et entre deux espèces proches (galligène et mineuse), afin d'identifier les effecteurs moléculaires en cause dans cette induction. Cette approche est rendue possible par la stratégie mixte des larves de Gracillariidae galligènes qui conservent un stade mineur de feuille précédant le stade galligène. L'existence de stratégies mixtes chez les Gracillariidae et leur prévalence dans cette famille font de ce clade un groupe de choix pour l'étude de l'évolution de ce mode de vie.

Analyse évolutive par phylogénie moléculaire comparée des gènes impliqués dans la reproduction mâle

Charlotte Lécureuil¹, Benoit Goursaud¹, Sophie Fouchécourt², Philippe Monget²

¹Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France, ²Physiologie de la Reproduction et des Comportements – Institut national de la recherche agronomique (INRA), Nouzilly, France

Même si la morphologie et la quantité de spermatozoïdes produits diffèrent entre espèces animales, la finalité des cellules germinales reste la même à savoir fertiliser un ovule et contribuer pour la moitié paternelle au zygote qui en résulte. L'objectif général de ce travail est d'obtenir une vue la plus exhaustive possible de l'ancestralité et de l'évolution des gènes impliqués dans la fertilité mâle. Cette étude nous permettra de faire le lien entre des espèces pour lesquelles il existe de nombreuses données *in silico* ou bibliographiques (la souris et la drosophile) et une espèce d'intérêt agronomique (une guêpe parasitoïde utilisée en lutte biologique) pour laquelle les données expérimentales ou fonctionnelles sont plus parcellaires. La première étape du projet a consisté, à partir d'une liste de 554 gènes exprimés spécifiquement dans le testicule murin, à établir le profil évolutif de ces gènes à partir de l'analyse des arbres phylogénétiques disponibles dans Ensembl et EnsemblMetazoa. Cette approche a permis de savoir quels gènes étaient partagés par les insectes (*Drosophila melanogaster* et *Nasonia vitripennis*) et la souris, ce qui signifiera une grande conservation fonctionnelle potentielle. La deuxième étape a été l'étude des profils d'expression de ces gènes, chez la drosophile à l'aide des données Flybase et chez *Nasonia* d'un point de vue expérimental. À partir des arbres phylogénétiques, 171 orthologues potentiels de gène de souris ont été identifiés chez *Nasonia vitripennis*. Une comparaison avec des résultats de transcriptomique de testicule a permis d'identifier 117 gènes exprimés par le testicule.

Evolution du chorus chez les animaux acoustiques

Virginie Party¹, Michael Greenfield¹

¹*Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France.*

Chez beaucoup d'espèces d'animaux acoustiques, les mâles émettent leurs chants en groupe, ces émissions collectives étant appelées « chorus ». Chez certaines espèces, on observe des ajustements fins entre les chants des différents mâles voisins qui vont produire des émissions collectives en synchronisme ou en alternance. De telles organisations temporelles, contrôlées par des oscillateurs nerveux centraux et des mécanismes de retard de phase de cet oscillateur, peuvent augmenter la reconnaissance de l'espèce, maximiser la capacité d'un groupe à attirer des femelles, ou aider à l'évitement des ennemis naturels. Nous avons mis en évidence dans de précédents travaux, via des expériences neuro-éthologiques, que ces structures temporelles émergent par défaut des préférences des femelles pour certaines caractéristiques des chants mâles et des avantages que tirent les mâles à suivre ces préférences. Nous avons montré que les ajustements temporels des mâles ont co-évolué avec les préférences des femelles et que la structure finale du chorus n'apporte pas d'avantage *per se*. Nous présenterons ici une comparaison des chorus chez deux espèces de sauterelles acoustiques présentant deux types de chorus différents, un en alternance et un en synchronie. Ces deux espèces du sud de la France sont *Ephippiger diurnus* qui présente des chorus en alternance et *Sorapagus catalaunicus* qui présente des chorus en synchronie. Cette comparaison nous a permis de montrer que le type de chorus établi par le groupe va aussi dépendre des caractéristiques de chant mâles spécifiques à chaque espèce. Des espèces à chants « courts » et rythme « lent » pourront faire de l'alternance alors que des espèces à chant « longs » et rythme « rapide » devront faire de la synchronie pour attirer des femelles.

Les îlots de vieillissement forestiers sont-ils des outils efficaces de conservation de la biodiversité ?

Gwendoline Percel¹, Guilhem Parmain¹, Christophe Bouget¹

¹*Ecosystèmes forestiers (UR EFNO), Irstea, Nogent-sur-Vernisson, France*

Une sylviculture intensive peut simplifier la structure, la composition et la dynamique forestière, notamment en occultant les vieux peuplements et en réduisant la densité de bois mort et de dendro-microhabitats. Dans ce contexte, soustraire des zones forestières à l'exploitation peut préserver la biodiversité associée. Néanmoins, ces zones représentent un manque à gagner conséquent pour le gestionnaire forestier. Afin de concilier des objectifs de production et de conservation de la biodiversité, des structures de protection temporaires, appelées îlots de vieillissement, ont été proposées et récemment mises en place dans les forêts publiques françaises (Instruction ONF « Biodiversité » 2009). Ces peuplements bénéficient d'un cycle sylvicole prolongé, mais sont exploités avant leur effondrement. L'efficacité de cette mesure pour la biodiversité est controversée. L'objectif de cette étude est d'analyser (i) l'effet de l'extension du cycle sylvicole sur les caractéristiques structurelles de chênaies matures et (ii) l'impact de ces éventuelles modifications sur les assemblages de coléoptères du bois mort (i.e. saproxyliques). En allongeant le cycle de futaie régulière de la chênaie atlantique d'une durée de 2 aménagements (50 ans), les arbres matures grossiront en moyenne en diamètre de 70 à 80 cm (DBH) d'après le taux d'accroissement annuel. La proportion d'arbres de diamètre supérieur à 80cm a été choisie pour traduire l'effet dendrométrique d'un allongement du cycle de 50 ans. Dans 11 massifs du nord de la France, nous avons sélectionné 27 futaies régulières de chêne avec des densités croissantes (0 à 100%) de très gros arbres (DBH > 80cm). La diversité des coléoptères saproxyliques et les caractéristiques environnementales (bois mort, densité et diversité des dendro-microhabitats et ouverture du milieu) de 81 placettes de 1ha ont été mesurées. Nos résultats démontrent qu'une telle extension du cycle sylvicole n'affecte significativement ni les conditions d'habitat, ni la biodiversité des insectes saproxyliques.

Evaluation de la biodiversité en arthropodes dans les vignobles du Centre Val de Loire

Elfie Perdereau¹, Damien Munier², Marie Zimmermann¹, Ingrid Arnault², Marlène Goubault¹

¹*Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France.* ²*CETU Innophyt, Université François Rabelais de Tours, France.*

La conservation de la biodiversité et la valorisation des services écosystémiques est aujourd'hui une préoccupation nationale majeure. Les Arthropodes, regroupant notamment les Insectes, les Arachnides, les Myriapodes et les Crustacés, représentent 80% des espèces animales et sont qualifiés d'excellents indicateurs de la qualité des milieux agricoles. Le projet BioVAL ambitionne de réaliser un diagnostic en Arthropodes dans les vignobles de la région Centre-Val de Loire, du Sancerre au Chinon, à l'échelle du paysage et de la parcelle et en considérant les différents territoires, les conduites culturales et les aménagements. Ce diagnostic se fera par des identifications morphologiques et génétiques (barcode et métabarcode) sur deux saisons de collectes (2016 et 2017) suivies par des analyses statistiques et spatiales. Les résultats obtenus permettront de relier biodiversité taxonomique et fonctionnelle aux caractéristiques des vignobles du Centre-Val de Loire et serviront de base à des préconisations en termes de gestion agro-écologique.

Structuration spatio-temporelle des communautés de drosophiles en Afrique Centrale

Carole Rolengha¹, Stéphane Prigent¹, Michel Veuille²

¹*Biologie intégrative des population et évolution moléculaire (BIPEM), Museum National d'Histoire Naturelle, Paris, France.* ²*Biologie intégrative des population et évolution moléculaire (BIPEM), Museum National d'Histoire Naturelle, Ecole Pratique des Hautes Etudes, Paris, France*

Les drosophiles de l'Afrique Centrale présentent une grande diversité spécifique et écologique, mais les facteurs expliquant leur distribution dans les différents milieux ne sont pas réellement connus. Pour cela nous caractérisons les communautés de drosophiles dans différents milieux de l'Afrique Centrale. Nous suivons également leurs fluctuations au cours d'une année. Nous pouvons ainsi déterminer les profils écologiques de chaque espèce collectée et évaluer l'effet des facteurs climatiques. Nous comparons des milieux de basse et de haute altitude, de forêt, de milieux ouverts et de milieux urbanisés. Les spécimens sont identifiés par des caractères morphologiques externes en morpho-espèces qui sont ensuite validées ou non par barcoding. Les résultats montrent une diversité dont l'abondance et la richesse varie selon l'altitude, la saison et les types de milieux. Aussi, observons-nous que les communautés de drosophiles ne sont pas homogènes dans le temps et dans l'espace. De fortes fluctuations populationnelles sont également observées au cours de l'année. Les communautés de drosophiles sont donc fortement intégrées à leur milieu et répondent aux composantes climatiques. Ces résultats confirment les conclusions de Lachaise qui avait constaté que les drosophiles, en Côte d'Ivoire, constituaient de bon marqueur écologique des milieux naturels et anthropisés.

Communication chimique du frelon asiatique, une solution de piégeage sélectif ?

Marie-Anne Wycke¹, Jérémy Gévar¹, Eric Darrouzet¹

¹*Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte (IRBI), UMR CNRS 7261, Université François Rabelais de Tours, France.*

Les nombreux échanges commerciaux facilitent la dispersion d'espèces invasives partout dans le monde. Le frelon asiatique *Vespa velutina nigrithorax* a été introduit accidentellement en France en 2004 par ce biais. Depuis, l'espèce a envahi rapidement le territoire français et européen. Son expansion pose de nombreux problèmes : environnementaux (le frelon est un prédateur de nombreux insectes), économique (le frelon chasse les abeilles et décime des ruchers entiers) et de santé publique (des décès ont été relevés suite à des piqûres). La lutte actuelle, par le biais de pièges non sélectifs, présente un fort impact sur l'entomofaune non cible et n'est donc pas adaptée sur le long terme sans conséquence sur la biodiversité. L'étude des systèmes de communication de cette espèce pourrait apporter une solution à ce problème. Dans le cadre d'un projet financé par la région Centre (projet « FRELON 2 », 2015-2018), en collaboration avec l'entreprise Vêto-pharma, nous analysons et identifions les composés volatiles émis par les frelons et mesurons leur effet sur les insectes (attractivité ou répulsivité). Cette étude va nous permettre de mettre au point un piège sélectif et efficace contre le frelon asiatique, grâce à l'utilisation d'un appât attractif à base de phéromones du frelon asiatique. Ces tests seront menés au laboratoire ainsi que sur le terrain en conditions réelles de piégeage.

Contacts



Liste des participants

	Nom	Prénom	Email	Pays
A	Arnault	Ingrid	ingrid.arnault@univ-tours.fr	France
B	Baglan	Hugo	hugo.baglan@etu.univ-tours.fr	France
	Bambou	Asta Eliane	elianeasta@hotmail.com	Sénégal
	Bankhead	Stéphanie	stephanie.bankhead@univ-orleans.fr	France
	Beauvais	Claire	cfabeauvais@yahoo.fr	France
	Beghami	Riadh	riadh.beghami@univ-batna.dz	Algérie
	Benabbas	Ilham	sahki_ilham@hotmail.fr	Algérie
	Benzidane	Yassine	benzidane.yassine@yahoo.fr	France
	Boisseau	Romain	romain.boisseau@wanadoo.fr	France
	Bonzohra	Mohamed Nadjib	nadjib-22@hotmail.com	Algérie
	Botsy	Rached	rached.botsy@gmail.com	France
	Bouaziz	Yoni	y.bouaziz@nextalim.com	France
	Bouget	Christophe	christophe.bouget@irstea.fr	France
	Bourgeois	Frank	frankbourgeois@orange.fr	France
	Brami	karima	karib20032002@yahoo.fr	Algérie
	Bressac	Christophe	bressac@univ-tours.fr	France
	Brossette	Lou	brossette.irbi@gmail.com	France
C	Cahon	Thomas	t.cahon@nextalim.com	France
	Calevro	Federica	federica.calevro@insa-lyon.fr	France
	Caminade	Arnaud	arnaud.caminade@free.fr	France
	Carton	Yves	Yves.Carton@egce.cnrs-gif.fr	France
	Casas	Jérôme	casas@univ-tours.fr	France
	Chesnais	Quentin	quentin.chesnais@u-picardie.fr	France
	Chevasco	Veronica	maria.chevasco@univ-tours.fr	France
	Chirault	Marlène	marlene.chirault@etu.univ-tours.fr	France
	Chrétien	Fabien	fabien.chretien@gmail.com	France
	Collet	Marie	marie.a.collet@wanadoo.fr	France
	Cook	James	james.cook@westernsydney.edu.au	Australie
	Coquerel	Quentin	quentin.coquerel@gmail.com	France
	Cortesero	Anne Marie	anne-marie.cortesero@univ-rennes1.fr	France
	Couty	Aude	aude.couty@u-picardie.fr	France
D	Dacher	Matthieu	matthieu.dacher@upmc.fr	France
	Darrouzet	Eric	eric.darrouzet@univ-tours.fr	France
	De Gracia	Marie	marie.de.gracia@gmail.com	France
	Dedeine	Franck	franck.dedeine@univ-tours.fr	France
	Dhinaut	Julien	julien.dhinaut@u-bourgogne.fr	France
	Drezen	Jean-Michel	drezen@univ-tours.fr	France
	Dubreuil-Fabre	Géraldine	ge13dub@yahoo.fr	France
	Dupont	Simon	simon.dupont@univ-tours.fr	France
E	Exbrayat	Mylène	my.exbrayat@gmail.com	France
F	Febway	Gérard	gerard.febvay@lyon.inra.fr	France

	Feldmeyer	Barbara	barbara.feldmeyer@senckenberg.de	Germany
	Figon	Florent	florent.figon@gmail.com	France
G	Gévar	Jérémy	jeremy.gevar@univ-tours.fr	France
	Gilles	Benoît	benoit.gilles@cyclefarms.com	France
	Giron	David	david.giron@univ-tours.fr	France
	Goubault	Marlène	marlene.goubault@univ-tours.fr	France
	Goursaud	Benoît	trias41@yahoo.fr	France
	Grandgirard	Julie	juliegrandgirard@yahoo.fr	Polynésie française
	Guerry	Coralie	coraliegue@hotmail.fr	France
	Guiguet	Antoine	antoine.guiguet@etu.univ-tours.fr	France
	Guschinskaya	Natalia	natalia.guschinskaya@insa-lyon.fr	France
H	Hidalgo	Kévin	kevin.hidalgo@univ-tours.fr	France
	Huguet	Elisabeth	huguet@univ-tours.fr	France
J	Jaffar-Bandjee	Mourad	mourad.jaffar-bandjee@etu.univ-tours.fr	France
	Josse	Thibaut	thibautjosse@univ-tours.fr	France
K	Kaiser-Arnauld	Laure	laure.kaiser-arnauld@egce.cnrs-gif.fr	France
L	Lacordaire	Anne-Isabelle	ailacordaire@koppert.fr	France
	Laroche	Fabien	fabien.laroche1@gmail.com	France
	Lebecque	Pauline	plasue.fredonpic@orange.fr	France
	Lécureuil	Charlotte	charlotte.lecureuil@univ-tours.fr	France
	Lefebvre	Thomas	tle@ynsect.com	France
	Leppik	Ene	e.leppik@yahoo.fr	France
	Lhuillier	Vincent	vincent.lhuillier@etu.univ-tours.fr	France
	Lizé	Anne	anne.lize@univ-rennes1.fr	France
	Lucas	Christophe	christophe.lucas@univ-tours.fr	France
M	Maire	Justin	justin.maire@insa-lyon.fr	France
	Meunier	Joël	joel.meunier@univ-tours.fr	France
N	Naessens	Elodie	elodie.naessens@sophia.inra.fr	France
O	Oudjiane	Aldjia	oudjianealdjia77@gmail.com	Algérie
P	Party	Virginie	vparty@live.fr	France
	Percel	Gwendoline	gwendoline.percel@irstea.fr	France
	Perdereau	Elfie	perdereau@univ-tours.fr	France
	Pincebourde	Sylvain	sylvain.pincebourde@univ-tours.fr	France
	Poinsot	Denis	denis.poinsot@univ-rennes1.fr	France
	Prigent	Stéphane	srpfly@gmail.com	France
R	Rahbé	Yvan	Yvan.Rahbe@lyon.inra.fr	France
	Rahoux	Sébastien	sebastien.rahoux@aets-consultants.com	France
	Renou	Michel	michel.renou@versailles.inra.fr	France
	Richard	Gautier	gautier.richard@rennes.inra.fr	France
	Rolengha	Carole	lirolenga@gmail.com	France
S	Simon	Jean-Christophe	jean-christophe.simon@rennes.inra.fr	France
	Simonet	Pierre	pierre.simonet@insa-lyon.fr	France
	Smia	Raphael	raphael.smia@gmail.com	France

V	Van Huis	Arnold	arnold.vanhuis@wur.nl	Nederland
	Vogelweith	Fanny	fvogelwe@uni-mainz.de	Germany
W	Woods	Art	art.woods@mso.umt.edu	United States
	Wycke	Marie-Anne	marie-anne.wycke@etu.univ-tours.fr	France
Z	Zhang	Hui	hui.zhang.tours@gmail.com	France