

# EXOTIC-BE

## EXperimentally Orientated genomics to Tackle Insects adaptive Challenges during bioinvasions: the ladybird *Harmonia axyridis* as a model species

**DUREE**  
 15/12/2013 – 14/12/2016

**BUDGET**  
 99 122 €

### DESCRIPTION DU PROJET

#### Contexte général

Les invasions biologiques incluent tous les types d'organismes et les écosystèmes. Elles sont maintenant largement considérées comme des composantes majeures du changement global. Bien que l'on ne puisse supposer que toutes les invasions biologiques sont dommageables, leurs conséquences écologiques mènent vers la perte de diversité biologique et vers des changements dans la structure des communautés et le fonctionnement de l'écosystème. En plus de leurs effets écologiques potentiels, les invasions biologiques peuvent avoir un impact sur la santé humaine et des impacts économiques à travers les dommages causés à l'agriculture, les forêts et la pêche.

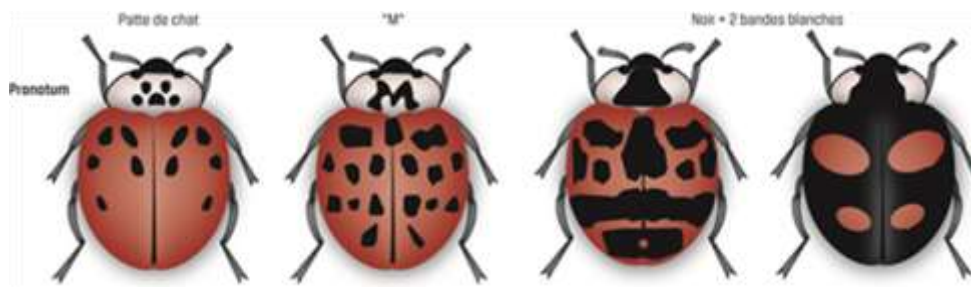
Alors que s'accumulent les études évaluant les changements évolutifs rapides associés aux invasions biologiques, seuls quelques programmes de recherche se sont intéressés aux mécanismes génétiques impliqués dans l'évolution adaptative associée aux invasions biologiques. Les forces évolutives qui conduisent à des populations d'organismes à se montrer plus envahissantes restent un mystère, démontrant le manque de connaissance sur la nature des invasions biologiques. Le développement de nouveaux outils moléculaires permettant la réalisation d'études génomiques rend désormais cet objectif accessible.

#### Objectifs du projet européen

Ce projet vise à déchiffrer les voies d'adaptation qui ont conduit la coccinelle asiatique (HA) à devenir envahissante dans le monde entier. Nous proposons de procéder par des comparaisons de l'ensemble du génome des populations de coccinelles choisies de manière adéquate (natif, invasive et lutte biologique). Le projet propose une stratégie basée sur une approche interdisciplinaire combinant la génomique, la génétique des populations, la modélisation, les statistiques, et la biologie évolutive expérimentale.

Plus précisément, nous allons améliorer la méthode existante dite de "blind population comparison" en

- 1) utilisant des méthodes statistiques améliorées et des simulations visant à guider l'interprétation des résultats,
- 2) en la complétant avec une approche candidat-trait de vie en nous intéressant spécifiquement à la réponse adaptative de trois traits déjà connus qui ont évolué pendant l'invasion ainsi que de deux traits qui, basé sur des comparaisons interspécifiques et des analyses biochimiques, peuvent avoir joué un rôle important dans le succès de l'invasion de HA.



# EXOTIC-BE

La comparaison du génome à l'échelle des populations de laboratoire permettra de comprendre les voies d'adaptation dans un contexte simplifié et d'identifier des régions génomiques d'intérêt. Pour les deux autres traits qui peuvent avoir joué un rôle crucial dans le succès de l'invasion de HA, à savoir une forte réponse immunitaire et un comportement d'agrégation spectaculaire, des informations sur les facteurs moléculaires impliqués sont partiellement disponibles, mais nous ne savons pas encore si les deux traits diffèrent entre les trois types de populations (HA natif, invasives et lutte biologique). Nous allons donc procéder à des expériences génétiques quantitatives pour tester leurs changements d'adaptation lors de l'invasion en vérifiant si des différences phénotypiques entre les populations existent.

## Objectifs de l'équipe belge

Nous visons à déterminer si le comportement d'agrégation a évolué au cours du processus d'invasion de HA. Le comportement d'agrégation observé en automne et en hiver dans les zones les plus envahies est orchestré par des molécules volatiles et non volatiles produites par HA spécifiquement à cette période de l'année. Ces molécules guident les individus vers le site de regroupement tant à grande qu'à courte distance. L'utilisation de systèmes de collecte sémiochimiques nous permettra de recueillir les phéromones libérées dans le but de guider le comportement d'agrégation. Les molécules collectées seront séparées et quantifiées par chromatographie gazeuse et tous les composants seront identifiés par spectrométrie de masse. Nous visons donc à mettre en évidence les différences potentielles dans la composition et la quantité des émissions de phéromones par les trois souches de HA. Des tests comportementaux seront menés en utilisant des mélanges d'individus en hibernation, ainsi que des individus appartenant aux trois souches. Enfin, le dosage électrophysiologique sera également réalisé pour étudier les différences dans l'organisation du système olfactif présent sur les antennes, permettant aux coléoptères de percevoir leurs phéromones.

## COORDONNEES

### Coordinateur

**François VERHEGGEN**  
Université de Liège (ULg)  
Dpt. Gembloux Agro-Bio Tech  
[fverheggen@ulg.ac.be](mailto:fverheggen@ulg.ac.be)



## Lien(s)

[http://www.rtf.be/tv/article/detail\\_halloween-lady-beetle-coccinelle-asiatique?id=8221697](http://www.rtf.be/tv/article/detail_halloween-lady-beetle-coccinelle-asiatique?id=8221697)

[http://www.belspo.be/belspo/brain-be/docum/media/40sci\\_fr.pdf](http://www.belspo.be/belspo/brain-be/docum/media/40sci_fr.pdf)