A28

Caractérisation de la diversité bactérienne associée au dendroctone du mélèze, Dendroctonus simplex LeConte (Coleoptera : Scolytinae), par séquençage à haut débit (bTEFAP)

Audrey-Anne Durand, Eric Déziel et Claude Guertin
INRS-Institut Armand-Frappier, Laval (Québec), Canada

Au Canada et dans le nord des États-Unis, le dendroctone du mélèze, Dendroctonus simplex LeConte, est un insecte ravageur causant d'importants dommages aux peuplements de mélèzes. Cet insecte possède une stratégie d'attaque dite secondaire, puisqu'il ne s'attaque normalement qu'aux arbres récemment morts ou encore affaiblis. Cependant, lorsque les populations deviennent épidémiques, celui-ci peut également s'attaquer aux arbres sains, causant d'importants dommages aux forêts naturelles et aux plantations de mélèzes. Plusieurs espèces d'insectes appartenant au genre Dendroctonus sont reconnues comme vecteur d'une flore bactérienne et fongique. Ces microorganismes associés aux insectes forment un complexe symbiotique qui facilite leur établissement dans l'environnement subcortical de leur hôte. Ce complexe serait également impliqué dans divers processus physiologiques chez les insectes, notamment au niveau de la nutrition ou encore de la protection contre certains microorganismes antagonistes. Dans le cas du dendroctone du mélèze, aucun complexe symbiotique n'a été identifié à ce jour. Afin d'identifier de nouvelles avenues de lutte biologique des populations de D. simplex, la caractérisation de la diversité microbienne associée à ce ravageur forestier a été entreprise. Une approche de séquençage à haut débit à été utilisée, selon la méthode «bacterial tag-encoded FLX amplicon pyrosequencing» (bTEFAP), en utilisant le gène codant pour l'ARNr 16S, afin d'identifier les bactéries associées au dendroctone du mélèze. Dans le but de comparer la diversité entre les communautés bactériennes, l'extérieur et l'intérieur du corps de l'insecte ainsi que les galeries de ponte ont été échantillonnés. Cette étude est la première à rapporter une association entre D. simplex et une population bactérienne. Nos résultats révèlent une forte dissimilarité dans la composition spécifique des différentes communautés. Une analyse Fast UniFrac a été réalisée afin de confirmer la différence phylogénétique entre les populations bactériennes. Nos résultats démontrent que l'association entre D. simplex et ces populations bactériennes pourrait jouer un rôle dans un éventuel complexe symbiotique.