

Thèse financée

Génomique du paysage de l'adaptation à un agent de biocontrôle chez un insecte ravageur du pommier

Date limite de candidature : 15 Mai 2026

CONTEXTE

Les adaptations des ravageurs aux méthodes de lutte constituent un exemple emblématique d'évolution en action. Longtemps associées aux pesticides, les résistances touchent également les agents de biocontrôle, remettant en question leur durabilité. Ces adaptations ne peuvent être comprises comme de simples réponses locales à la sélection : leur dynamique est fondamentalement spatiale. À l'échelle des paysages agricoles, cette dynamique spatio-temporelle résulte de l'interaction étroite entre **pression de sélection** (liée aux pratiques culturales) et la **dispersion des individus**, qui redistribue en permanence les variants génétiques entre populations et est fortement contrainte par la structure des paysages, déterminant leur connectivité. Dans ce contexte, comprendre et prédire les dynamiques spatio-temporelles des résistances nécessite une approche intégrative reliant génomique, démo-génétique, analyses spatiale et télédétection, afin d'identifier les échelles pertinentes de surveillance et de gestion, condition essentielle pour assurer une efficacité durable des produits de biocontrôle.

Dans ce cadre, ce projet se concentre sur l'adaptation d'un ravageur majeur du pommier, le carpocapse des pommes (*Cydia pomonella*), à un agent de biocontrôle, le virus de la granulose (CpGV). Utilisé depuis les années 1990 pour réduire la dépendance aux pesticides et proposer une alternative sans impact sur l'environnement, le CpGV constitue un pilier de la protection des vergers. Toutefois, depuis leur première détection en 2005, l'adaptation aux produits à base de CpGV est en augmentation, compromettant l'efficacité de cette méthode de lutte largement utilisée en agriculture biologique et conventionnelle.

OBJECTIFS ET QUESTIONS SCIENTIFIQUES

L'objectif central de ce projet de thèse est d'étudier **comment les pressions de sélection, locales et à l'échelle du paysage, interagissent avec la dispersion et la structure des paysages agricoles pour déterminer les dynamiques spatio-temporelles de la résistance au CpGV chez *C. pomonella***, à plusieurs échelles spatiales. Cette problématique sera abordée à l'aide d'approches de génomique du paysage et de démo-génétique.

Les principales questions de recherche incluent : Quelle est la structuration génétique des populations de *C. pomonella* à différentes échelles spatiales, et que révèle-t-elle sur les flux de gènes et la connectivité ? Quels facteurs paysagers, environnementaux et agronomiques (densité et distribution des vergers, climat, intensité des traitements) influencent la fréquence et la distribution des résistances ? Est-ce que la prise en compte de la connectivité permet de mieux expliquer et de prédire la distribution des résistances ? Dans quelle mesure les séries d'échantillons historiques permettent-elles de reconstruire la dynamique spatio-



RÉPUBLIQUE
FRANÇAISE

Liberté
Égalité
Fraternité

INRAE

temporelle des résistances ? À quelles échelles spatiales et temporelles organiser la surveillance et la gestion collective afin d'optimiser la durabilité des stratégies de biocontrôle basées sur le CpGV ?

ENVIRONNEMENT DE TRAVAIL

La thèse s'appuie sur des résultats récents ayant permis d'identifier les bases génétiques et des marqueurs moléculaires associés aux adaptations de *C. pomonella* au CpGV (e.g. Olivarès et al., 2023). Elle repose également sur le génotypage de plus de 6000 marqueurs génétiques (neutres et associés aux résistances) réalisé sur des pools d'individus issus de plus de 100 vergers à l'échelle d'un bassin de production du sud-est de la France (site atelier Basse Vallée de la Durance : <https://site-atelier-basse-vallee-durance.fr/>) et plus de 300 vergers à l'échelle nationale. Ces données seront complétées au cours de la première année de thèse. Par ailleurs, des données à l'échelle du paysage couvrant la distribution des vergers, l'occupation du sol et les pratiques agricoles sont déjà disponibles à l'échelle du site atelier BVD. L'ensemble de ces données sera mobilisé par le ou la futur-e doctorant-e.

Le doctorat sera réalisé dans l'unité INRAE Plantes et Systèmes de cultures Horticoles (UR PSH – Avignon, <https://psh.paca.hub.inrae.fr/>) au sein de l'équipe CBC (Contrôle Biologique par Conservation). La thèse sera co-encadrée par Bertrand Gauffre (génétique du paysage), et Jerome Olivarès (génomique des résistances) à PSH, ainsi que Anne-Lise Boixel (dynamique des populations, Unité BIOGER, Paris Saclay).

Cette thèse s'inscrit dans des projets interdisciplinaires, offrant au/à la doctorant-e un environnement collaboratif et stimulant, en interaction avec chercheurs et acteurs du monde agricole. Elle s'appuie notamment sur le projet PARSADA ASAP, dédié à l'anticipation et à la gestion des résistances en agriculture et co-finançant la thèse, ainsi que sur le projet BIODICAPT (PEPR Agroécologie & Numérique), mobilisant la télédétection pour caractériser les paysages et les pratiques agricoles.

CANDIDATURE

Le ou la candidat-e devra être titulaire d'un Master en biologie ou d'un diplôme équivalent. Une formation en écologie et/ou évolution ou diplôme ingénieur en sciences de la vie est requis. Nous recherchons un-e candidat-e disposant de solides compétences en traitement et analyse de données sous R, en analyses spatiales (outils SIG), ainsi qu'un fort intérêt pour la génomique du paysage et l'écologie spatiale. De bonnes capacités rédactionnelles ainsi que la maîtrise de l'anglais sont attendues.

La date limite de candidature est fixée au **15 mai 2026 à 12h**. La sélection se déroulera en deux étapes : une présélection sera réalisée par les encadrants, puis les candidat-e-s retenu-e-s seront auditionné-e-s le 3 juin par l'école doctorale, qui désignera le ou la lauréat-e.

Les candidatures devront obligatoirement comprendre :

- Un curriculum vitae,
- Une lettre de motivation (maximum 2 pages),
- Les relevés de notes de Master 1 et Master 2 (ou équivalent),
- Les coordonnées de deux personnes référentes.

Pour candidater ou si vous avez des questions sur le sujet ou l'environnement de travail, n'hésitez pas à nous contacter directement : bertrand.gauffre@inrae.fr, jerome.olivares@inrae.fr et anne-lise.boixel@inrae.fr

REFERENCES

- Bourguet, D., Delmotte, F., Franck, P., Guillemaud, T., Reboud, X., Vacher, C., Bordeaux, U., & Walker, A. S. (2013). Heterogeneity of selection and the evolution of resistance. *Trends in Ecology and Evolution*, 28(2), 110–118.
<https://doi.org/10.1016/j.tree.2012.09.001>
- Caumette C. (2025) Interactions entre dynamique spatio-temporelle des ravageurs et structure des paysages agricoles : approches démo-génétiques appliquées à la mouche orientale des fruits *Bactrocera dorsalis* dans les bassins de production de mangue sénégalais. Thèse de doctorat : Biologie et écologie évolutives : Institut Agro Montpellier.
- Crossley, M. S., Chen, Y. H., Groves, R. L., & Schoville, S. D. (2017). Landscape genomics of Colorado potato beetle provides evidence of polygenic adaptation to insecticides. *Molecular Ecology*, 26(22), 6284–6300. <https://doi.org/10.1111/mec.14339>
- Dauphin, B., Rellstab, C., Wüest, R. O., Karger, D. N., Holderegger, R., Gugerli, F., & Manel, S. (2023). Re-thinking the environment in landscape genomics. *Trends in Ecology and Evolution* (Vol. 38, Issue 3, pp. 261–274). Elsevier Ltd.
<https://doi.org/10.1016/j.tree.2022.10.010>
- Fenderson, L. E., Kovach, A. I., & Llamas, B. (2020). Spatiotemporal landscape genetics: Investigating ecology and evolution through space and time. *Molecular Ecology*, 29(2), 218–246. <https://doi.org/10.1111/mec.15315>
- Franck, P., Reyes, M., Olivares, J., & Sauphanor, B. (2007). Genetic architecture in codling moth populations: Comparison between microsatellite and insecticide resistance markers. *Molecular Ecology*, 16(17), 3554–3564. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03410.x>
- Franck, P., Ricci, B., Klein, E. K., Olivares, J., Simon, S., Cornuet, J. M., & Lavigne, C. (2011). Genetic inferences about the population dynamics of codling moth females at a local scale. *Genetica*, 139(7), 949–960. <https://doi.org/10.1007/s10709-011-9598-5>
- Hancock, P. A., Hendriks, C. J. M., Tangena, J. A., Gibson, H., Hemingway, J., Coleman, M., Gething, P. W., Cameron, E., Bhatt, S., & Moyes, C. L. (2020). Mapping trends in insecticide resistance phenotypes in African malaria vectors. *PLoS Biology*, 18(6).
<https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3000633>
- Mangan, R., Bussière, L. F., Polanczyk, R. A., & Tinsley, M. C. (2023). Increasing ecological heterogeneity can constrain biopesticide resistance evolution. In *Trends in Ecology and Evolution* (Vol. 38, Issue 7, pp. 605–614). Elsevier Ltd.
<https://doi.org/10.1016/j.tree.2023.01.012>
- Miller, N. J., & Sappington, T. W. (2017). Role of dispersal in resistance evolution and spread. *Current Opinion in Insect Science*, 21, 68–74.
<https://doi.org/10.1016/j.cois.2017.04.005>
- Olivares, J., Siegwart, M., Gautier, M., Maugin, S., Gingueneau, L., & Gauffre, B. (2023). Genetic basis of codling moth (*Cydia pomonella*) resistance to the original isolate of *C. pomonella* Granulovirus (CpGV-M). *Entomologia Generalis*, 43(3), 649–658.
<https://dx.doi.org/10.1127/entomologia/2023/2052>
- Richardson, J. L., Brady, S. P., Wang, I. J., & Spear, S. F. (2016). Navigating the pitfalls and promise of landscape genetics. *Molecular Ecology*, 25(4), 849–863.