HAL
open science

Identification et caractérisation génétique d'un lépidoptère : Corcyra cephalonica (Stainton), Pyralidae, inféodé aux stocks de grains de mil (Pennisetum glaucum (Brown)) et de riz (Oryza sativa (L., 1753)) dans le centre du bassin arachidier et le delta du fleuve Sénégal.

Mamadou Lo

To cite this version:

Mamadou Lo. Identification et caractérisation génétique d'un lépidoptère : Corcyra cephalonica (Stainton), Pyralidae, inféodé aux stocks de grains de mil (Pennisetum glaucum (Brown)) et de riz (Oryza sativa (L., 1753)) dans le centre du bassin arachidier et le delta du fleuve Sénégal.. Génétique animale. Université Cheikh Anta Diop de Dakar (Sénégal), 2021. Français. NNT : . tel-03300174

HAL Id: tel-03300174

https://hal.science/tel-03300174v1

Submitted on 27 Jul 2021

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

UNIVERSITE CHEIKH ANTA DIOP DE DAKAR

FACULTÉ DES SCIENCES ET TECHNIQUES

ÉCOLE DOCTORALE
SCIENCES DE LA VIE, DE LA SANTÉ ET DE L'ENVIRONNEMENT

FORMATION DOCTORALE
BIOLOGIE-PRODUCTIONS ET PATHOLOGIES ANIMALES

Année : 2020 **N° d'ordre** : 202010

THÈSE DE DOCTORAT

Spécialité : Génétique des populations

Présentée par : Mamadou LO

Identification et caractérisation génétique d'un lépidoptère : *Corcyra cephalonica* (Stainton), Pyralidae, inféodé aux stocks de grains de mil (*Pennisetum glaucum* (Brown)) et de riz (*Oryza sativa* (L., 1753)) dans le centre du bassin arachidier et le delta du fleuve Sénégal.

Soutenue publiquement le 26 mars 2021 à l'UCAD devant le jury composé de :

Président :	**M. Ibrahima**	**NDOYE**	Professeur Titulaire	FST-UCAD
Rapporteurs :	**M. Cheikh**	**THIAW**	Professeur Assimilé	STAPV -USSEIN
	M. Jean Yves	**CORNO**	Chargé de Recherche	Univ. MONTP.
	M. Saliou	**NGOM**	Maître de rech. CAMES	DPV
Examinateur :	**M. Toffène**	**DIOME**	Maître de Conf. Tit.	FST-UCAD
Directeur de thèse :	**M. Mbacké**	**SEMBENE**	Professeur Titulaire	FST-UCAD

« 1 “Essaies toujours de te cacher toi qui es à la quête du savoir. Ainsi tu t’épargneras les épreuves et les peines. Aies de la détermination, ainsi tu dépasseras ta génération”.

2 “Ne te plains pas tout le temps des épreuves qui t’accablent. Sois courageux et agis de telle sorte que les gens croient que tu ne manques de rien”.

3 “Car la science n’est jamais octroyée à quelqu’un qui craint la faim, Saches que DIEU élève son serviteur qui fait preuve de patience”.

4 “Toi qui veux acquérir le savoir, révises à chaque fois, à chaque instant. Je plains celui qui…”

5 “ Toi qui cherches le savoir, ne cherches pas en même temps l’argent. Car le créateur pourvoit au besoin de celui qui est en quête de connaissance”.

6 “ Crains DIEU et suis sa religion qui est l’ISLAM. Car celui qui désobéit à DIEU et celui qui fait du mal à autrui ne détiendront jamais la connaissance”.

7 “ Eloignes toi des jeunes filles en âge de se marier et celles qui se sont déjà mariées. S’approcher d’elles conduit au mépris, à la désobéissance et à la perdition”.

8 “Ne sacrifies pas l’au-delà pour ce monde, ô ! Fils d’Adam. Donc il est clair que quiconque échange la lumière pour l’obscurité le regrettera”.

Gloire à Toi Seigneur de la Toute Puissance, bien au-dessus de ce qu’ils peuvent inventer. Paix aux messagers du Seigneur. Louange à Dieu, Maître Souverain des mondes. »

Khassida KUN KAATIMAN écrit par Cheikh Ahmadou Bamba Khadim Rassoul.

DEDICACES

Je dédie ce travail

*A feu mon père **Bassirou LO.** Qu'**Allah** (SWT) l'acceuille dans son paridis. Il n'a cessé de m'accompagner dans toutes mes entreprises ;*

*A ma mère **Khady NIANE,** qui n'a ménagé aucun effort pour la réussite de ses enfants, pour l'affection constante, les prieres et les encouragements continus.*

*À ma femme **Ndéye yacine Diagne** pour son soutien et mes enfants : **Fatou, Cheikh Ahmadou Bamba et Mouhamad Al Fadl.***

À mes frères et sœurs, pour l'amour et la solidarité indéfectible qui nous lient.

À mes oncles et tantes, pour leurs soutien et conseils.

À mes cousins et cousines, neveux et nièces, pour l'attachement et l'amour familial.

À mes amis (es), pour leur profonde reconnaissance. Une pensée pieuse à Khadim SEYE, Assane NDAW et Abdoukhadre FALL, qu'ALLAH (swt) absout leurs péchés et que le paradis soit leur demeure éternelle.

REMERCIEMENTS

Grâce et Invocations à **ALLAH (الله)**, le Tout Miséricordieux, le Très Miséricordieux, le Tout Puissant qui m'a donné cette chance de la vie de trouver ma voie et de terminer ce travail.

Que Ta Sagesse nous guide ! Que Ta lumière nous éclaire vers le chemin des Meilleurs !

Ma gratitude est à l'endroit de chacun des membres de ce présent jury. Qu'il soit rassuré de toute ma reconnaissance pour avoir accepté de juger mon travail à travers leur expertise scientifique dont j'ai toute confiance. C'est un honneur pour moi de bénéficier de vos expertises. Vos suggestions, critiques et remarques contribueront fortement à améliorer ce manuscrit. Je remercie très sincèrement le Pr. **Ibrahima NDOYE** d'avoir accepté de présider la soutenance.

Je tiens à exprimer mes plus vifs remerciements au Professeur **Mbacké SEMBENE** qui est pour moi à la fois un père et un directeur de thèse attentif et disponible malgré ses nombreuses charges. Sa compétence, son expérience, sa rigueur scientifique et son entendement m'ont beaucoup appris. Pour sa disponibilité à comprendre et à communiquer et sans oublier ses précieuses intuitions. Je tiens particulièrement à le remercier de m'avoir inséré dans son équipe de recherche, de la liberté d'action qu'il m'a donnée à chaque étape de cette aventure. Sincèrement, grâce à lui j'ai appris beaucoup de choses dont certaines sont très utiles pour mes travaux académiques bien sûr, mais aussi des choses importantes pour mon développement personnel. Grace à lui aussi j'ai pu valoriser mes travaux en me facilitant la publication des articles. Je n'oublie, la justesse de vos critiques a été très constructive et utile. Elles ont été et resterons des moteurs de mon travail de chercheur. J'espère avoir été digne de sa généreuse et de sa confiance et que ce travail soit finalement à la hauteur de ses espérances. J'ai beaucoup appris à ses côtés et je suis très honoré de l'avoir eu comme encadreur. Je lui exprime ma profonde gratitude.

Je ne saurai parler de la qualité de mon encadrement scientifique sans souligner la grande part prise par le Professeur **Cheikh THIAW**, qui m'a chaleureusement accompagné dans la réussite de ce modeste travail. Malgré ses nombreuses activités et la lourdeur d'une université naissante à piloter, il a su être patient et j'ai toujours pu bénéficier de ses conseils, de son attention, de sa réactivité mais surtout de sa confiance. Merci vraiment pour cet accompagnement rapproché, les suggestions judicieuses et les encouragements. Je vous remercie aussi pour la qualité de l'accueil au sein de l'USSEIN où j'ai pu bénéficier d'excellentes conditions de travail et d'un renforcement de capacité.

Aux Dr. **Jean Yves CORNO** et Dr. **Saliou NGOM**, je les remercie d'avoir accepté d'être rapporteurs de cette thèse et de me faire l'honneur d'être membres du jury.

Je remercie particulièrement Dr. **Toffène DIOME** qui a piloté et pris une part très active dans le suivi rapproché de ce travail. Ses grandes qualités d'écoute et de rigueur ont contribué à me guider dans ma démarche de recherche. Je vous remercie également de m'avoir beaucoup aidé dans la rédaction des articles et la correction du document. Merci pour la confiance que vous avez en vers moi et pour l'aide. Votre expérience, votre réactivité et vos conseils m'ont permis d'élargir mes connaissances et d'améliorer mon travail.

Je tiens à remercier les proviseurs **Samba LOUM** et **Baboucar NIANG**, l'intendant à la retraite **Sidiki DIENG**, ainsi que toute l'équipe du Nouveau Lycée de Kaolack (NLK) pour leurs compréhension, l'allégement de mon emploi du temps et leurs encouragements.

Je remercie toute l'équipe de l'USSEIN, particulièrement aux enseignants chercheurs **Diégane DIOUF, Fatou NDOYE, Bassirou NDOYE, Khaly MBODJI** et **Fatou KINE** pour leur soutien.

Mes remerciements vont notamment aux docteurs et doctorants du département de biologie animale et des équipes du Laboratoire de Génomique. Il s'agit plus particulièrement de **Toffène DIOME, Fatima MBAYE SY, Cheikh Abdou K. M. DIA, Bineta KENEME, Daouda BARRY, Mama Racky NDIAYE, Déthié NGOM, Babacar S. SAMBE** pour ne citer que cela.

Je souhaite également remercier Monsieur **Mamoune DIOP**. Un futur chercheur très dynamique qui a énormément aidé dans l'analyse et l'interprétation de la partie génétique.

Mes remerciements vont droit aux administratifs et techniques tels que Mme **Lydia SAMB**, Chef de scolarité Faculté des Sciences et Techniques et Mme **Fama DIOP** de l'Ecole Doctorale Sciences de la Vie, de la Santé et de l'Environnement (ED-SEV) pour leurs encouragements.

Ce travail dirige toutes mes pensées vers notre Khalif général **Cheikh Mouhamadou Mountakha MBACKE**, longue vie et santé sur lui, à qui j'ai beaucoup échangé vers les années 2005-2008, sur des questions scientifiques autour des nostalgiques tasses de café dans sa demeure à Darou Minan à Touba lors de mes vacances. Sa passion et son intérêt pour le savoir datent de longtemps. Merci pour vos prières et de l'intérêt que vous portez pour la famille.

J'adresse mes sincères remerciements à **Serigne Fallou MBACKE Bassirou** qui a toujours su nous recadrer et nous épauler dans les moments les plus difficiles.

J'exprime ma gratitude à **Mame Thierno MBACKE** (mon guide spirituel) khalif de **Serigne AIDARA MBACKE** pour ses prières et ses encouragements continus.

Mes remerciements vont aussi à l'endroit de **Serigne Moustapha DEME,** qui m'a initié à l'enseignement coranique à très bas âge, pour ses prières et ses encouragements continus. Longue vie et santé à vous. Mention spéciale à **Serigne Modou DEME**, un fidèle compagnon plein de sagesse. A côté de vous, j'ai beaucoup appris de ma religion.

Ces remerciements seraient incomplets sans un remerciement adressé aux membres de ma famille, en particulier mes **parents** pour l'affection constante et les encouragements continus. Mention spéciale à ma femme **Ndéye Yacine DIAGNE**, le travail, les recherches et le ménage, ce n'est pas une mince affaire à manager mais elle a su gérer. Sa patience, son soutien et sa maturité m'ont offert un climat familial favorable pour mener à terme ce travail. Un grand merci à mes frères **Khadime** (Pape LO), **Moustapha** et **Ibrahima**, à mes sœurs **Ndéye Ami, Mame Faty** et son époux **Babacar NIANG**, **Magatte** et son époux **Cheikh NIANG, Thioro** et son époux **Saliou NGOM**, **Binetou** et son époux **Badou DIAGNE** et enfin la cadette de la famille **Fama LO**, pour l'amour et la solidarité indéfectible qui nous lient. A mes oncles **Mor NIANE** et son épouse **Maimouna LO**, **Cheikh Mbacké NIANE** et son épouse **Ndéye Fatou NIANE**, **Bassirou NDIAYE** et son épouse **Soda NIANE** et mes tantes **Mbéne FALL**, **Ndéye DIOP**, **Magatte NIANE** pour leurs soutiens sans faille et conseils**.** A mes **cousins et cousines**.

Je témoigne aussi ma gratitude à mes amis qui m'ont soutenu moralement. Je pense à Omar TOURE, Richard Demba DIOP, Cheikh SENE, Bassirou SARR, Élimane NDIAYE, Dame BOP, Mor talla DIAGNE, Mame penda THIAM et Boubou SEYE, Papa Arona FOFANA, Ass GUEYE et Pape FAYE, Abdou khadre MBAYE, Mouhamadou Moustapha NIANE, Mouhamadou LY, Malick FALL, Ngane BA, etc.

Merci à toutes et à tous de m'avoir permis de mener à bien cette belle entreprise dans les meilleures conditions possibles.

TABLE DES MATIERES

Table des matières

DEDICACES i

REMERCIEMENTS ii

TABLE DES MATIERES iv

LISTE DES ABREVIATIONS ET SIGLES vii

LISTE DES FIGURES viii

LISTES DES TABLEAUX x

Résumé xii

Abstract xiii

Introduction générale 1

CHAPITRE I : SYNTHESE BIBLIOGRAPHIQUE 4

Introduction 4

I.1 Présentation des plantes hôtes : *Pennisetum glaucum* et *Oriza sativa* 4

I.1.1 Le Mil : Pennisetum glaucum 4

I.1.2 Le Riz : 9

I.2 Le ravageur *Corcyra cephalonica* (Stainton) 22

I.2.1 Origine, taxonomie et répartition géographique 22

I.2.2 Morphologie 23

I.2.3 Bio-écologie 25

I.2.4 Dégâts et importance 28

I.2.5 Stratégies de lutte contre les insectes ravageurs 29

I.3 Approches génétiques 30

I.3.1 Principaux marqueurs moléculaires 31

I.3.2 Marqueurs moléculaires utilisés en phylogénie 34

I.3.3 Séquençage de nouvelle génération (NGS) 36

I.3.4 Application des marqueurs moléculaires dans l'entomologie 53

Conclusion 54

CHAPITRE II. Étude des paramètres de développement et de reproduction de *Corcyra cephalonica* (Stainton) en fonction du type de substrat alimentaire et da zone agro-écologique... 54

Résumé 54

Chapter II: Study of the development and reproduction parameters of *Corcyra cephalonica* (Stainton) based on the type of food substrate and agro-ecological zone. 55

Abstract 55

Introduction 56

II.1 Matériel et méthodes 57
II.1.1 Conditions de développement de l'insecte 57
II.1.2 Site d'échantillonnage 57
II.1.3 Élevage de la pyrale 58
II.1.4 Étude des paramètres de développement de la pyrale du riz 58
II.1.5 Étude de la reproduction 60
II.1.6 Analyses statistiques 61
II.2 Résultats 62
II.2.1 Étude des paramètres de développement de la pyrale 62
II.2.2 Étude des paramètres reproducteurs de la pyrale 70
II.2.3 Effet des zones agro-écologiques sur les paramètres de développement de *C. cephalonica* 74
II.2.4 Étude biométrique de la pyrale du riz en fonction des zones agro-écologiques 75
II.2.5 Étude des paramètres de reproduction de la pyrale en fonction de la zone agro-écologique 78
II.3 Discussion 78
Conclusion 85
CHAPITRE III. Caractérisation génétique des populations de *C. cephalonica* en fonction du type de substrat alimentaire (mil et riz) et de deux zones agro-écologiques du Sénégal. 88
Résumé 88
Abstract 88
Introduction 89
III.1 Matériel et méthodes 90
III.1.1 Échantillonnage 90
III.1.2 Choix du gène Cytochrome b (Cyt-b) 91
III.1.3 Étude génétique 92
III.1.4 Analyses génétiques 94
III.2 RESULTATS 98
III.2.1 Variabilité génétique du Cyt-b 98
III.2.2 Indices de diversité génétique : Hd, Pi et leurs écart-types 100
III.2.3 Structure génétique des populations : différenciation génétique et variance moléculaire : 101
III.2.4 Évolution démographique 102
III.2.5 Approche phylogénétique 104
III.3 Discussion 109
Conclusion et perspectives 112

CHAPITRE IV. Évaluation des pertes quantitatives et qualitatives sur les grains du mil et du riz blanc en stockage causées par *C. cephalonica* (Stainton) au Sénégal. 114

Résumé.....114

Abstract 114

Introduction.....115

IV.1 MATERIEL ET METHODES 116

IV.1.1 Milieu d'étude 116

IV.1.2 Matériel 116

IV.1.3 Méthodes 116

IV.2 Résultats 119

IV.2.1 Teneur en eau des grains de mil et de riz..... 119

IV.2.2 Pertes occasionnées par *C. cephalonica* sur les stocks de grains de mil et de riz..... 119

IV.2.3 Comparaison des pourcentages d'attaque dans les grains..... 120

IV.2.4 Corrélation entre les pourcentages d'attaque et de perte 120

IV.2.5 Régression de la variable % A :..... 121

IV.2.6 Statistiques descriptives et comparaison des pourcentages de pertes (% B)..... 123

IV.2.7 Régression de la variable % B :..... 123

IV.3 Discussion 127

Conclusion 129

Conclusion générale, recommations et perspectives.....131

Références bibliographiques.....133

Annexe : Publications 148

LISTE DES ABREVIATIONS ET SIGLES

ABC : Approximated Bayesian Computation
ADN : Acide Désoxyribonucléique
ADNmt : ADN mitochondrial
ADNn : ADN nucléaire
AFLP : Amplified Fragment Lenght Polymorphism (polymorphisme de longueur de fragments amplifiés)
AIC : Akaike Information Criterion
AMOVA : Analysis of MOlecular VAriance
ARN : Acide ribonucléique
C. cephalonica : *Corcyra cephalonica*
CBA : Centre du bassin arachidier
CEDEAO : Communauté Economique des États de l'Afrique de l'Ouest
CEI : Communauté des Etats Indépendants
CFA : Communauté financière d'Afrique
CILSS : Comité permanent Inter-état de Lutte contre la Sécheresse dans le Sahel
CNRA : Centre National de Recherche agricole
COI : Cytochrome oxydase I
COII : Cytochrome oxydase II
Cyt-B : Cytochrome B
DFS : Delta du fleuve Sénégal
DJ : Djibélor
dNTP : désoxyribonucléotide tri-phosphate
FAO : Food and Agricultural Organization Nations (organisation des nations unies pour l'alimentation et l'agriculture)
FMI : Fonds Monétaire International
Fst : Indice de différenciation génétique
FST : Faculté des Sciences et Techniques
GERS : Groupe d'Etudes et de Recherche sur le Stockage
HG : Haplogroupe
IBD : Isolement By Distance
IRD : Institut de recherche pour le développement
ISRA : Institut Sénégalaise de Recherche Agricole
IRAT : (Institut de recherches agronomiques tropicales et des cultures vivrières),
ADRAO : Association pour le développement de la riziculture en Afrique de l'Ouest
ORSTOM : Institut français de recherche scientifique pour le développement en coopération
MAE : Ministère de l'Agriculture et de l'Élevage
MCBA : Mil du Centre du Bassin Arachidier
MDFS : Mil du Delta du Fleuve Sénégal
MDR : Ministère du Développement Rural
MLST : Multi-Locus Sequence Typing
Nb. P : Nombre de Pontes ;
Nb. TOP : Nombre Total d'œufs Pondus.
NGS : Séquençage de Nouvelle Génération
NJ : Neighbor-Joining method
NLK : Nouveau Lycée de Kaolack
NTOPM : Nombre Total d'Œufs Pondus sur Mil
NTOPR : Nombre Total d'Œufs Pondus sur Riz
O. sativa : *Oryza sativa*
PAM : Programme Alimentaire Mondiale
Pb : Paire de bases
PCR : Polymerase Chain Reaction
PUM : Pièces à Usage Multiple
qPCR : quantative Polymerase Chain Reaction
Qubit : bit Quantique
RAPD : Randomly Amplified Polymorphic DNA
RCBA : Riz du Centre du Bassin Arachidier
RDFS : Riz du Delta du Fleuve Sénégal
RFLP : Restricted Fragment Length Polymorphism (Polymorphisme de Longueur des Fragments de Pestriction)
SAED : Société d'Aménagement et d'Exploitation des Terres du Delta et de la Falémé
SE : Séfa
SNP : Single Nucleotide Polymorphism
SSCP : Single-Stranded Conformational Polymorphism
SSD : Sum of Squared Deviation
SSR : Simple Sequence Repeat
SSR : Simple Sequence Repeat ;
STAPV : Sciences et Techniques en Agronomie et Production Végétale
STR : Short Tandem Repeat
T. castaneum : *Tribolium castaneum*
UCAD : Université Cheikh Anta Diop
UEMOA : Union Economique et Monétaire Ouest Africaine
USSEIN : Université du Sine Saloum El-hadji Ibrahima Niass
Ver. : Version
ZEA : Zone Agro-Écologique

LISTE DES FIGURES

Figure 1. Champs de mil dans la localité d'Ourour (Fatick) (LO, 2017)..... 7
Figure 2. Stockage de mil en épis au champ. 8
Figure 3. Mil infesté par *Corcyra cephalonica* 9
Figure 4. *Oryza sativa*, Graminées (LO, 2017)..... 17
Figure 5. Riz en provenance d'un stationnement de conditionnement infesté par *Corcyra cephalonica* 21
Figure 6. *C. cephalonica* : a : Femelle, vue dorsale ; b : Femelle, vue ventrale ; Mâle, vue dorsale 23
Figure 7. Œufs de *C. cephalonica* 23
Figure 8. Larves de *C. cephalonica*..... 24
Figure 9. Nymphes de *C. cephalonica* 25
Figure 10. Système de défense des bactéries (Bonnet, 2007). 33
Figure 11. Mécanismes proposés pour les instabilités des microsatellites (Achaz, 2002)..... 34
Figure 12. Chimie de séquençage mise en œuvre dans les séquençages de nouvelle génération (Image reproduite avec l'autorisation de Morozova et *al.*, 2009)..... 37
Figure 13. Diagramme de flux général pour le protocole du kit de préparation de la bibliothèque sans PCR Illumina TruSeq (adapté du protocole du kit de préparation de la bibliothèque sans PCR truseq). 41
Figure 14. Diagramme de flux général pour le protocole du kit de préparation de la bibliothèque d'ADN Nano D'Illumina TruSeq (adapté du protocole du kit de préparation de la bibliothèque d'ADN de TruSeq Nano). 42
Figure 15. Diagramme de débit général pour le kit de préparation de la bibliothèque d'ADN Illumina Nextera (adapté du protocole de la trousse de préparation de la bibliothèque d'ADN de Nextera). 43
Figure 16. Diagramme de flux général pour le protocole Illumina Nextera Rapid Capture Exome Kit (adapté du protocole Nextera Rapaid Capture Kit). 45
Figure 17. Diagramme de débit général pour le protocole du kit d'ARN total échoué Illumina TruSeq (adapté du protocole TruSeq Stranded Total ARN Kit). 47
Figure 18. Diagramme de débit général pour le protocole du kit d'ARNm échoué Illumina TruSeq (adapté du protocole de kit d'ARNm truseq stranded)..... 48
Figure 19. Diagramme de débit général pour le protocole du kit de préparation de la bibliothèque d'ARN de Petite ARN Illumina TruSeq (adapté du protocole du kit de préparation de la bibliothèque de l'ARN de TruSeq)..... 49
Figure 20. Diagramme de débit général pour le protocole de la trousse de méthylation de l'ADN d'Illumina TruSeq (adapté du protocole du kit de méthylation de l'ADN de TruSeq). 50
Figure 21. Emplacement géographique des localités échantillonnées dans les zones agro-écologiques..... 58
Figure 22. Nuages de points de la biométrie des stades larvaires sur mil..... 63
Figure 23. Graphique des moyennes de variation de taille en fonction du sexe 65
Figure 24. Graphique des moyennes de variation de taille en fonction des céréales 66
Figure 25. Graphique des moyennes de variation de taille en fonction de l'effet des coactions céréale et sexe (sexe*céréales) 67

Figure 26. Graphiques des moyennes de la longueur en fonction du sexe, des céréales mil et riz et de l'effet des coactions céréale et sexe (sexe*céréales) 68
Figure 27. Graphiques des moyennes de la largeur en fonction du sexe, de la nature de la céréale et de l'interaction sexe*céréales 69
Figure 28. Diagrammes en bâtons montrant l'effet de la céréale sur le sexe de la pyrale 70
Figure 29. Evolution des activités de pontes de la pyrale sur mil. 71
Figure 30. Evolution des activités de pontes de la pyrale sur riz. 72
Figure 31. Moyenne des longueurs de la pyrale du riz en fonction des zones agro-écologiques 76
Figure 32. Moyenne des largeurs en fonction des zones agro-écologiques 77
Figure 33. Moyenne des tailles en fonction des zones agro-écologiques. 78
Figure 34. Mismatch distributions par paire d'individus de la population globale (c), de la population CBA (b) et de la population CFS (a). 103
Figure 35. Réseau haplotypique des populations de *C. cephalonica* 104
Figure 36. Arbre phylogénétique de *C. cephalonica* par inférence bayisienne en fonction de la zone agro-écologique. 105
Figure 37. Arbres phylogénétiques de *C. cephalonica* en fonction de la zone agroécologique par méthode de Neighbor-Joining. 106
Figure 38. Arbres phylogénétiques de *C. cephalonica* en fonction du substrat alimentaire dans le centre du bassin arachidier. 107
Figure 39. Arbre phylogénétique de C. cephalonica en fonction du substrat alimentaire dans le delta du fleuve Sénégal. 108
Figure 40. Graphique des coefficients normalisés 122
Figure 41. Nuage de points montrant la variation du pourcentage d'attaque en fonction du nombre de grains attaqués et des générations. 122
Figure 42. Graphiques des moyennes de variation des effets de l'interaction céréales/générations sur le pourcentage d'attaque 123
Figure 43. Graphique des coefficients normalisés 125
Figure 44. Graphiques des moyennes illustrant les effets des interactions céréales*générations sur le pourcentage de perte en matières sèches. 126
Figure 45. Variations des pourcentages d'attaque et de perte en fonction de l'interdépendance du type de céréales avec les générations. 127

LISTES DES TABLEAUX

Tableau 1. Systématique du riz 11
Tableau 2. Description des principales techniques utilisées en écologie moléculaire 31
Tableau 3. Couverture et lecture des recommandations par application..... 39
Tableau 4. Liste des échantillons de mil, infestés par *C. cephalonica,* par localité géographique et acronymes associés. 58
Tableau 5. Durée des différentes phases de développement de la pyrale du riz en fonction de la nature de la céréale 63
Tableau 6. Comparaisons multiples par paires de la taille pour les céréales 64
Tableau 7. Comparaisons multiples par paires de la longueur pour l'effet céréale en fonction du sexe (sexe*céréales) 64
Tableau 8. Comparaisons multiples par paires de la largeur pour l'effet céréale en fonction du sexe (sexe*céréales) 65
Tableau 9. Synthèse pour tous Y 65
Tableau 10. Variation de la taille en fonction des céréales 66
Tableau 11. Variation de la taille en fonction de l'effet d'interaction céréale et sexe (sexe*céréales) 66
Tableau 12. Analyse Type III Sum of Squares (Variable longueur (mm)) : 67
Tableau 13. Paramètres du modèle (Variable longueur (mm)) : 67
Tableau 14. Analyse Type III Sum of Squares (Variable Largeur (mm) 68
Tableau 15. Emergence des adultes et sex-ratio (R) de *Corcyra cephalonica* en fonction de la nature des aliments : 69
Tableau 16. Tableau montrant la relation entre le sexe et le type de céréale 70
Tableau 17. Activités de ponte de *C. cephalonica* sur le mil : 71
Tableau 18. Activités de pontes de *C. cephalonica* sur le riz : 71
Tableau 19. Comparaison entre les nombres des pontes des œufs de *C. cephalonica* dans les grains : 72
Tableau 20. Comparaison entre les nombres totaux d'œufs pondus dans les grains : 72
Tableau 21. Taux d'éclosion en fonction des céréales mil et riz : 73
Tableau 22. Corrélation entre les taux d'éclosion des œufs de *C. cephalonica* dans les grains : 73
Tableau 23. Analyse des relations entre le nombre de pontes et le nombre total d'œufs pondus par les femelles issues des grains de mil 73
Tableau 24. Analyse des relations entre le nombre de pontes et le nombre total d'œufs pondus par les femelles issues des grains de riz..... 73
Tableau 25. Analyse des relations entre le nombre total d'œufs pondus sur mil, la longévité sur riz et le nombre total d'œufs pondus sur riz : 74
Tableau 26. Analyse des relations entre le nombre total d'œufs pondus sur mil, la longévité sur mil : 74
Tableau 27. Durées des différents stades de développement des femelles de la pyrale du riz en fonction des zones agro écologiques du centre du bassin arachidier et du delta du fleuve Sénégal sur les grains de mil 75
Tableau 28. Analyse de la variance (Variable longueur (mm)) : 75
Tableau 29. Analyse de la variance (Variable largeur (mm)) : 76
Tableau 30. Synthèse pour tous les Y : 77
Tableau 31. Synthèse (Moyenne estimée) - zone : 77

Tableau 32. Liste des échantillons de mil et de riz, infestés par *C. cephalonica,* par zone agro-écologique et acronymes associés..... 91
Tableau 33. Polymorphisme génétique du Cyt. b en fonction du support alimentaire et du milieu. ……... . 99
Tableau 34. Les haplotypes, les individus qui les constituent et leur nombre 100
Tableau 35. Indices standards de diversité génétique : Hd et Pi. 101
Tableau 36. Distance génétique D de Nei intra et inter-milieu. 101
Tableau 37. Régression entre la distance génétique et la distance géographique. 102
Tableau 38. Source et pourcentages de la variance moléculaire. 102
Tableau 39. Tests démogénétiques de neutralité et statistiques démographiques du passé. ……... 103
Tableau 40. Données statistiques des paramètres étudiés : 120
Tableau 41. Tableau des moyennes des modalités 120
Tableau 42. Synthèse de la sélection des variables (Variable % A) : 121
Tableau 43. Analyse Type III Sum of Squares (Variable % A) :..... 121
Tableau 44. Analyse des paramètres de variation du % A :..... 121
Tableau 45. Synthèse de la sélection des variables (Variable % B) :..... 123
Tableau 46. Analyse Type I Sum of Squares (Variable % B) :..... 124
Tableau 47. Analyse des paramètres de variation du % B : 124

UNIVERSITÉ CHEIKH ANTA DIOP DE DAKAR
FACULTÉ DES SCIENCES ET TECHNIQUES
ÉCOLE DOCTORALE SCIENCES DE LA VIE, DE LA SANTE ET DE L'ENVIRONNEMENT
THÈSE DE DOCTORAT
FORMATION DOCTORALE : BIOLOGIE-PRODUCTIONS ET PATHOLOGIES ANIMALES
SPÉCIALITÉ : GÉNÉTIQUE DES POPULATIONS

Nom et prénoms du candidat : LO Mamadou

Titre : Identification et caractérisation génétique d'un lépidoptère : *Corcyra cephalonica* (Stainton), Pyralidae, inféodé aux stocks de grains de mil (*Pennisetum glaucum* (Brown)) et de riz (*Oryza sativa* (L., 1753)) dans le centre du bassin arachidier et le delta du fleuve Sénégal.

Date et lieu de soutenance : le 26 mars 2021 à 14h 30min à l'EBAD – UCAD.

Membres du Jury :

M. Ibrahima	NDOYE	Professeur Titulaire	FST-UCAD	Président
M. Cheikh	THIAW	Professeur Assimilé	STAPV -USSEIN	Rapporteur
M. Jean Yves	CORNO	Chargé de Recherche	MONTPELLIER	Rapporteur
M. Saliou	NGOM	Maître de Recherche CAMES	DPV	Rapporteur
M. Toffène	DIOME	Maître de Conférence Titulaire	FST-UCAD	Examinateur
M. Mbacké	SEMBENE	Professeur Titulaire	UCAD - FST	Directeur de thèse

Résumé

Corcyra cephalonica est un ravageur cosmopolite très nuisible aux denrées stockées. Au Sénégal, le mil et le riz sont des céréales très cultivées constituant l'essentiel de nos stocks de produits vivriers et subissent d'énorme pertes dues en grande partie par cet insecte. Face à ce constat, il devient urgent de développer des méthodes de luttes rationnelles pour protéger les grains lors de leur conservation. Cependant, l'insuffisance des données scientifiques, surtout au plan génétique, limite la gestion intégrée des populations de la pyrale. Cette étude, étant pionnière, a pour objectif de contribuer à une meilleure connaissance de la bio-écologie et de la génétique des populations de ce ravageur, en vue d'optimiser la gestion de ces dernières. De manière plus spécifique, il s'agit de : (1) caractériser les populations en fonction des céréales et de l'origine géographique de ces dernières ; (2) ensuite caractériser sur le plan génétique les populations de Corcyra cephalonica ; (3) et enfin évaluer les pertes quantitative et qualitative sur le mil et sur le riz. L'aspect bioécologique, après un échantillonnage, un élevage de masse et des analyses biostatistiques, a révélé que la durée moyenne du cycle de développement de l'insecte est plus longue dans les grains de mil que dans ceux du riz. De plus, le type de substrat alimentaire a un effet significativement différent sur les paramètres : durée des stades immatures et mature et la taille du papillon. D'autre part, la différence de rang entre le nombre de pontes dans les grains était significative (p-value = 0,0090 < 0,05), celle entre les œufs pondus dans les grains l'était aussi (p-value = 0,0237 < 0,05). Cependant, la différence de rang entre les taux d'éclosion des œufs dans les grains n'était pas significative (p-value = 1 > 0,05). Les tests de corrélations ont révélé qu'il n'y avait pas de relation entre le NTOP sur mil et la longévité des mites femelles (Sig. = 0,904 > 0,05), le nombre de pontes et le nombre total d'œufs pondus sur mil (Sig.= 0,785 > 0,05), le nombre de pontes et le NTOP sur riz (Sig. = 0,188 > 0,05), NTOP sur mil et la longévité des mites sur riz (Sig.= 0,589 > 0,05), NTOP sur mil et le NTOP sur riz (Sig.=0,742 > 0,05). Cependant, il y'a une forte corrélation entre le NTOP sur riz et la longévité des mites femelles sur riz (Sig. = 0,021 > 0,05 et coefficient de corrélation de Spearman = 0,878). De plus, l'étude a révélé un effet zone agro-écologique non significatif sur le temps d'incubation des œufs mais qui étaient plus élevés dans les populations de *C. cephalonica* issues du CBA. Le NTOP et le pourcentage d'éclosion des œufs sont plus élevés dans les populations en provenance du DFS. Cependant, un effet zone significativement diffèrent sur la taille, le nombre de pontes et les différentes durées de développement de l'insecte, a été noté. L'approche génétique étudiée à l'aide du marqueur du cytochrome b et des analyses génétiques a montré 73 haplotypes pour 91 séquences. Les populations de *C. cephalonica* seraient issues d'une population ancestrale stable. Les inférences de l'AMOVA et les arbres phylogénétiques ont montré qu'il y a une différenciation génétique significative en fonction du milieu et en fonction du support alimentaire entre les populations de la pyrale. L'évaluation des pertes, à partir de la formule de comptage et de pesage de Adams et Schulten, a montré que le pourcentage d'attaque est trois fois plus élevé sur les grains de mil (36,31 ± 25,18 %) que sur ceux du riz (12,95 ± 6,69 %) avec une différence non significative (p-value = 0,296 > 0,05). Une tendance similaire est observée au niveau du pourcentage de perte, qui est quatre fois plus élevé dans les grains de mil (8,67 ± 5,07 %) que dans ceux du riz (2,86 ± 2,75 %) avec une différence non significative (p-value = 0,835 > 0,05). D'autre part, deux types d'effets ont été notés lors de cette étude : un effet génération sur le mil pour le pourcentage d'attaque et un effet génération et céréale pour le pourcentage de perte de poids sur le riz.

Mots clés : *Corcyra cephalonica*, substrats alimentaires, zones agro-écologiques, bio-écologie, caractérisation génétique, gène cytochrome b, biotype, écotype, pourcentage d'attaque, pourcentage de perte.

UNIVERSITY CHEIKH ANTA DIOP OF DAKAR
FACULTY OF SCIENCE AND TECHNIQUES
THESE OF PHD
ECOLE PHYTHIES SCIENCES OF LIFE, HEALTH AND ENVIRONMENT
FORMATION DOCTORALE: BIOLOGY-PRODUCTIONS AND ANIMAL PATHOLOGIES
SPECIALTY: GENETICS OF POPULATIONS

Candidate's name and surnames: LO Mamadou

Title: Identification and genetic characterization of a Lepidoptera: *Corcyra cephalonica* (Stainton), Pyralidae, subservient to stocks of millet grains (*Pennisetum glaucum* (Brown)) and rice (*Oryza sativa* (L., 1753)) in the centre of the groundnut basin and the Senegal River Delta.

Date and place of defense: March 26, 2021 at 2:30 p.m. at the EBAD - UCAD.

Members of the Jury:

Mr. Ibrahima	NDOYE	Full Professor	FST-UCAD	President
Mr. Cheikh	THIAW	Assimilated Professor	STAPV -USSEIN	Reporter
Mr. Jean Yves	CORNO	Researcher	MONTPELLIER	Reporter
Mr. Saliou	NGOM	Research Associate CAMES	DPV	Reporter
Mr. Toffène	DIOME	Senior Lecturer	FST-UCAD	Examiner
Mr. Mbacké	SEMBENE	Full Professor	UCAD - FST	Thesis Director

Abstract

Corcyra cephalonica is a cosmopolitan pest very harmful to stored food. In Senegal, millet and rice are highly cultivated cereals that make up the bulk of our food stocks and suffer huge losses due in large part to this insect. Faced with this observation, it becomes urgent to develop rational control methods to protect the grains during their conservation. However, insufficient scientific data, especially at the genetic level, limits the integrated management of moth populations. This pioneering study aims to contribute to a better understanding of the bioecology and genetics of the populations of this pest, with a view to optimizing the management of these pests. More specifically, the aim is to: (1) characterize populations according to cereals and their geographical origin; (2) then genetically characterize the populations of Corcyra cephalonica; (3) and finally assess the quantitative and qualitative losses on millet and rice. The bioecological aspect, after sampling, mass breeding and biostatistical analyses, revealed that the average duration of the insect's development cycle is longer in millet grains than in rice. In addition, the type of food substrate has a significantly different effect on the parameters: the duration of immature and mature stages and the size of the butterfly.On the other hand, the difference in rank between the number of layings in grains was significant (p-value = 0.0090 < 0.05), the difference between eggs laid in grains was also significant (p-value = 0.0237 < 0.05). revealed that there was no relationship between NTOP on millet and the longevity of female moths (Sig. = 0.904 > 0.05), the number of clutches and the total number of eggs laid on millet (Sig. = 0.785 > 0.05), the number of spawning eggs and the NTOP on rice (Sig. = 0.188 > 0.05), NTOP on millet and the longevity of moths on rice (Sig. = 0.589 > 0.05) , NTOP on millet and NTOP on rice (Sig. = 0.742 > 0.05). However, there is a strong correlation between NTOP on rice and the longevity of female moths on rice (Sig. = 0.021 < 0.05 and Spearman correlation coefficient = 0.878). In addition, the study revealed a non-significant agro-ecological zone effect on egg incubation time but higher in *C. cephalonica* populations from CGB. NTOP and egg hatching percentages are higher in populations from SRD. However, a significantly different area effect on the size, number of clutches and different development times of the insect, was noted. The genetic approach studied using the cytochrome b marker and genetic analysis showed 73 haplotypes for 91 sequences. Populations of *C. cephalonica* are believed to have come from a stable ancestral population. AMOVA inferences and phylogenetic trees have shown that there is significant genetic differentiation depending on the environment and food support between moth populations. Loss evaluation, from adams and Schulten's counting and weighing formula, showed that the attack percentage is three times higher on millet grains (36.31 ± 25.18%) than in rice grains (12.95 ± 6.69%) with a non-significant difference (p-value = 0.296 > 0.05). A similar trend is observed in the percentage of loss, which is four times higher in millet grains (8.67 ± 5.07%) rice (2.86 ± 2.75 per cent) with a non-significant difference (p-value = 0.835 > 0.05). On the other hand, two types of effects were noted in this study: a generation effect on millet for the attack percentage and a generation and cereal effect for the percentage of weight loss on rice.

Keywords: *Corcyra cephalonica*, food substrates, agro-ecological zones, bio-ecology, genetic characterization, cytochrome gene b, biotype, ecotype, attack percentage, loss percentage.

INTRODUCTION GENERALE

Introduction générale

La conservation des récoltes assure la disponibilité des ressources alimentaires qui est l'un des facteurs clés de la sécurité alimentaire d'un pays. Le Sénégal, comme la plupart des autres pays du Sahel, fait face à une situation alimentaire relativement difficile. L'écart entre la production nationale et les besoins croissants de la population n'a pas cessé de se creuser au fil des années. Différentes causes sont généralement mises en avant pour expliquer cette dégradation de la situation alimentaire du pays, telles que la baisse de la fertilité des sols, la faiblesse de l'incitation des prix et l'abandon des politiques de soutien agricole (MAE[1], 2001 ; Dieng, 1998 ; Gaye et Kelly, 1996 ; MDR, 1984). Le problème se pose avec acuité dans le secteur des céréales qui constituent l'aliment de base pour les populations rurales et même urbaines. Selon Gueye et *al.* (2011), le mil et le maïs sont les deux céréales majeures au Sénégal. Le bilan de la recherche agricole a énuméré les différentes contraintes quasi communes à toutes ces cultures : sècheresse, déficits hydriques récurrents, maladies, mauvaises herbes, épuisement progressif des sols, manque d'encadrement, absence d'intrants, désengagement de l'État et désorganisation des filières, qualité et performances des semences, etc. (Ba et *al.*, 2005 ; Ndiaye et *al*., 2005 ; Gueye et *al*., 2011). Ainsi, les rendements actuels sont largement en deçà des attentes de la couverture nationale en nourriture. La sécurité alimentaire continue d'en pâtir. Le manque de ressources alimentaires est comblé depuis toujours par des importations massives, notamment de céréales. Si, pour le mil et le maïs, la dépendance extérieure est faible, il en est autrement pour le riz et le blé pour lesquels la moyenne annuelle d'importation est de l'ordre de 600 000 tonnes pour une enveloppe estimée à 110 milliards de francs CFA (Fall et *al.*, 2008 ; Gueye et *al*., 2011). Depuis des années les besoins en céréales ne sont pas atteints. Le déficit vivrier chronique a été exacerbé par la crise alimentaire mondiale de 2008. En effet, la précarité de l'offre, spécialement pour le riz et le blé, ainsi que le renchérissement des prix d'achat, sont venus aggraver le problème. Pourtant, à la faveur des programmes spéciaux du gouvernement sénégalais lancés depuis 2003, la production céréalière connait ces dernières années une progression régulière. L'émergence de nouveaux paradigmes tels que la réduction de la pauvreté, l'amélioration de la sécurité alimentaire ainsi que les innovations dans les exploitations ont fini par inverser la tendance en matière de recherche (PAM, 2008 ; Gueye et *al.,* 2011).

[1]L'auteur a été coopté par la DAPS/ Ministère de l'Agriculture et de l'Élevage dans le comité de rédaction pour "l'Élaboration des Stratégies de Développement du Secteur Agricole" en septembre 2001.

Les cultures vivrières autrefois délaissées au profit des produits d'exportation se voient de plus en plus considérées dans les programmes de recherche des institutions nationales et sous régionales (Coly, 2007 ; Gueye et *al.,* 2011). Au Niger, des chercheurs de l'Université de Niamey et de l'Institut de Recherche pour le Développement ont identifié le gène PHYC, jouant un rôle dans la perception de la lumière chez les plantes, étant responsable de l'adaptation du mil aux conditions de sècheresse, aux sols pauvres et à la grande variabilité des conditions environnementales (IRD, 2009). Selon cette étude, le mil, base alimentaire de 50 millions d'habitants, reste la seule culture correspondant aux conditions du Sahel et aux habitudes alimentaires traditionnelles. Malgré les initiatives prises de part et d'autre pour accroître la production, le contexte d'insécurité alimentaire est toujours marqué par des pertes post-récoltes non négligeables imputables entre autres aux insectes. La valeur réelle des déperditions notées lors du stockage est depuis fort longtemps sujette à polémique. Devant la gravité des pertes post-récoltes causées par les insectes, Labeyrie (1992) disait qu'en Afrique, le paysan travaille pour les insectes. Deux catégories de ravageurs sont à distinguer : ceux qui attaquent les récoltes aux champs à l'image de *Caryedon serratus* (Olivier) sur arachide et de *Callosobruchus maculatus* (F.) sur niébé et ceux qui sont exclusivement inféodés aux stocks, tels que *Corcyra cephalonica* (Stainton) et *Tribolium castaneum* (Herbst) (Gueye et *al.,* 2011). Parmi les lépidoptères ravageurs des stocks de céréales, *Corcyra cephalonica e*st sans doute le plus redoutable. Les stades larvaires de cet insecte ravageur se développent, le plus souvent, à l'intérieur des grains et consomment les réserves contenues dans l'endosperme.

Il y'a très peu de données génétiques concernant les lépidoptères. Et pourtant plusieurs études génétiques ont été menées, au Sénégal, sur des insectes ravageurs de légumineuse comme *Caryedon serratus* (Sembéne et *al,* 2012) et de céréales comme *Tribolium castaneum* (Diome et *al,* 2013). D'où l'importance de notre étude car étant la première au Sénégal. Il est donc d'une importance capitale d'étudier la bioécologie de ce lépidoptère, ce qui va nous permettre de distinguer les physiotypes et les morphotypes qui sont des formes adaptées aux différentes conditions de stockages. En plus, la recherche de méthodes de lutte non polluantes contre ce ravageur conduit à étudier la structuration spatio-temporelle de *Corcyra cephalonica* car s'il est indispensable, d'un point de vue théorique, de faire la distinction entre les structures observées et ce qui les crée, il est évident que d'un point de vue pratique, l'approche que l'on peut avoir d'une population doit passer nécessairement par une étude de ses structures. Il est donc essentiel de combiner des données morphométriques qui permettent de quantifier et de visualiser les différences et les ressemblances de formes, à des données moléculaires (utilisation de

marqueurs génétiques plus variables et moins sujets à variations associées à des adaptations locales). La migration des populations d'une région à une autre n'est possible que si elles ont développé des aptitudes à survivre dans différentes zones agro-écologiques et surtout résister aux traitements insecticides. Ce qui nous permettra sans doute de mettre en évidence le couplage/découplage entre la part des contraintes internes (histoire évolutive) et externe (écologie).

L'objectif global de ce travail est de contribuer à une meilleure connaissance de la bio-écologie et de la génétique des populations de *C. cephalonica*. Ce qui permettra d'optimiser la gestion de ces dernières et d'améliorer la conservation des céréales.

Les objectifs spécifiques abordés dans ce sujet peuvent être organisés selon les trois axes principaux suivants : d'abord caractériser les populations en fonction des céréales et de l'origine géographique de ces dernières ; ensuite caractériser sur le plan génétique les populations de *Corcyra cephalonica* ; et enfin évaluer les pertes quantitative et qualitative sur le mil et sur le riz.

Ce travail est structuré de la manière suivante :

- le chapitre 1 est une synthèse bibliographique qui présente l'état des connaissances actuelles en rassemblant un nombre de références bibliographiques pouvant permettre de faire l'état de l'avancement des recherches dans ce domaine. Nous détaillerons ici ce qui est connu de la bio-écologie de *Corcyra cephalonica,* du mil et du riz, ainsi que des nombreuses zones d'ombre sur l'impact de ce ravageur sur ces types de denrée ;

- le chapitre II étudie les effets du substrat alimentaire (mil et riz) et de deux zones agro-écologiques différentes (centre du bassin arachidier et delta du fleuve Sénégal) sur les paramètres de développement et de reproduction de *C. cephalonica* ;

- le chapitre III est une caractérisation génétique des populations de la pyrale en fonction des grains de mil et de riz échantillonnés dans les zones agro-écologiques CBA et DFS ;

- le chapitre IV est une évaluation des pertes quantitative et qualitative sur les grains de mil et de riz.

CHAPITRE I : SYNTHESE BIBLIOGRAPHIQUE

CHAPITRE I : SYNTHESE BIBLIOGRAPHIQUE

Introduction

Au Sénégal, l'action des insectes ravageurs sur les céréales stockées constitue un problème majeur pour le secteur agricole. Le pays n'arrive toujours à assurer la sécurité et la souveraineté alimentaire car les stocks subissent d'énormes pertes ; les populations continuent d'en pâtir. Face à cette situation problème, ce chapitre a pour objectif de rassembler un nombre de références bibliographiques pouvant permettre de faire l'état de l'avancement de la recherche dans les domaines de l'entomologie et de la génétique des populations. Pour atteindre cet objectif, l'étude portera d'abord sur la présentation des plantes hôtes mil (*Pennisetum glaucum*) et riz (*Oriza sativa),* les informations sur le bio-ravageur *Corcyra cephalonica* (Stainton), qui est l'un des principaux déprédateurs des denrées stockées, seront par la suite réactualisées, et enfin une synthèse des approches génétiques connues jusqu'ici sera réalisée. Cette mise à jour permettra de collecter suffisamment d'informations qui faciliterons les études sur la bio-écologie, la biologie moléculaire et l'évaluation des pertes causées par la pyrale du riz.

I.1 Présentation des plantes hôtes : *Pennisetum glaucum* et *Oriza sativa*

I.1.1 Le Mil : Pennisetum glaucum

Le mil (*Pennisetum typhoides* Stapf. et Hubb.), aliment de base des populations, est de loin la céréale la plus importante au Sénégal, tant pour les superficies emblavées que pour la production. Il est cultivé dans tout le pays, notamment dans la région de Kaolack, qui représente 26 % des superficies cultivées et 39 % de la production nationale, estimée à plus de 528 000 t (Ndiaye, 2005). Le mil (millet) cultivé en zone tropicale sèche pour son grain est une céréale monocotylédone (Diome, 2014).

I.1.1.1 Systématique, morphologie, origine, distribution et production

I.1.1.1.1 Systématique

Le mil à chandelle a reçu plusieurs noms selon les auteurs : *Pennisetum glaucum* par Brown, *Pennisetum typhoïdes* par Staph et Hubbard ou *Pennisetum americanum* par Leeke. Il est aussi appelé millet perle (*Pennisetum glaucum*), petit mil, mil à chandelle ou mil pénicillaire (Diome, 2014). Selon Ishwar et *al*. (1990), les mils ont la position systématique suivante : Famille des Gramineae ; Sous famille des Panicoideae ; Tribu des Paniceae ; Sous tribu des Panicinae ; Section des Penicillaria ; Genre : *Pennisetum* ; Espèce : *Pennisetum glaucum* (L.) R. Br. Les mils comprennent actuellement 9 genres distincts. Six d'entre eux appartiennent à la tribu des

Panicées et les trois autres genres sont repartis dans trois tribus différentes : Chloridées, Agrostidées, Maydées (Memento, 1991).

I.1.1.1.2 Morphologie, origine, distribution et production

Le mil est une graminée protogyne et allogame, dont le cycle est variable. Le système racinaire est de type fasciculé. Il est concentré dans les trente (30) premiers centimètres du sol, mais certaines racines peuvent descendre jusqu'à trois (3) mètres de profondeur. La tige ou chaume est ronde, avec un nombre variable d'entre-nœuds alternant avec des nœuds, à la base desquels les feuilles sont insérées par l'intermédiaire de la gaine. Les nœuds sont verts ou colorés de pigments en nombre variable ; les entre-nœuds sont creux, glabres ou pubescents. Le nœud et l'entre-nœud sont séparés par une bande d'ébauche radiculaire et d'un méristème intercalaire (Ishwar et *al*., 1990 ; Bezançon et *al*., 1985). La hauteur de la plante varie entre 1 et 3 m. Elle peut même atteindre 4 m de hauteur dans les zones humides (Chanterau et *al.,* 2002). Les feuilles sont retombantes, leur nombre et leurs dimensions sont variables. Elles sont longues (0,5 - 1 m), étroites (0,04 - 0,05 m), ouvertes et pubescentes. L'inflorescence est un faux épi de longueur et de grosseur variables (caractères à forte héritabilité). La fleur est bisexuée, le fruit est un caryopse de couleur et de vitrosité variables. Les grains de forme ovoïde, globulaire peuvent être de couleur blanche, jaune, brune, grise, crème et sont densément répartis sur l'épi (Saint-clair, 1987). L'Afrique de l'Ouest est la zone d'origine des mils cultivés et l'on peut y trouver des mils sauvages (Bezançon et *al.*, 1997 ; Bezançon et Pham, 2004). Soixante-dix pour cent (70%) des superficies en mil dans le monde se trouvent en Afrique de l'Ouest, dans les zones où la pluviométrie moyenne annuelle varie entre 200 et 800 mm (MAE, 2002). En Asie, la culture du mil se limite presque exclusivement en Inde et en Chine.

L'Inde est le premier pays producteur du mil au monde ; sa production est d'environ 11 millions de tonnes par an, soit presque 40% de la production mondiale (König, 2012). La Chine produit environ 3,7 millions de tonnes de mil par an dans les provinces de Hebei, Shanxi et Shandong. La culture du mil en Afrique est pratiquée dans un grand nombre de pays, notamment au Nigeria, au Niger, au Burkina Faso, au Mali, au Sénégal et au Soudan (Dabré, 2008). La production de mil au Sénégal a connu un essor important avec une production moyenne de 643000 tonnes par an soit 71% de la production céréalière nationale (ISRA-KARTALA, 2010). En Amérique Latine, la culture du mil est pratiquée dans une petite région de l'Argentine. Dans les pays développés, la culture du mil est concentrée dans la communauté des états indépendants (CEI), surtout la fédération de Russie, le Kazhacastan et l'Ukraine. En Amérique du nord, la production du mil est infime de même qu'en Australie et en Europe.

I.1.1.1.3 Variabilité génétique et groupes de cultivars

La forte variabilité observée au niveau des populations de mil résulte du croisement fréquent entre espèces cultivées et espèces sauvages. Selon Tostain (1998), plusieurs pratiques supposées ou actuellement observées chez les nomades et les paysans sédentaires peuvent expliquer l'isolement génétique nécessaire à la domestication : la cueillette tardive de graminées sauvages permet de sélectionner les phénotypes ayant des épillets persistants ou faiblement caduques. Hormis la sélection naturelle, celle effectuée par l'homme a permis une augmentation significative de la variabilité. Les mils cultivés en Afrique sont classés en mils hâtifs ou précoce (75 à 100 jours) et en mils tardifs (110 à 150 jours (Diome, 2014) :

- Les mils hâtifs (guero au Niger et Nigéria et souna au Sénégal et Mali) sont cultivés dans les zones à faible pluviométrie ;
- Les mils tardifs (maiwa ou somno au Niger et Nigéria et sanio au Sénégal et Mali) sont cultivés dans les régions les plus humides. Des cultivars de mil très performants ont été identifiés dans les différentes régions de production grâce à des démonstrations et des essais régionaux en milieu paysan.

I.1.1.1.4 Pratiques culturales et commercialisation

La culture du mil est généralement pratiquée dans les zones comprises entre les isohyètes 250 mm et 900 mm qui correspondent aux zones Nord (région de Louga : 250 - 350 mm), Centre Nord (régions de Diourbel-Thiès : 400 - 500 mm), Centre Sud (régions Kaolack - Fatick : 600 - 700 mm), et la partie septentrionale au Sud et Sud-est (régions de Casamance - Tambacounda : 800 - 900 mm) (Diangar, 1990). Il est cultivé soit en culture pure continue dans les champs de case, soit en rotation avec l'arachide dans les champs de brousse, soit encore en culture associée avec le niébé dans le centre-Nord (ISRA-KARTALA, 2010). Le semis peut être réalisé à sec ou après une pluie de 20 mm ou plus. Au Sénégal, les grains arrivent à maturité 2 à 3 mois après le semis (figure 1).

Figure 1. Champs de mil dans la localité d'Ourour (Fatick) (LO, 2017)

La récolte est effectuée à maturité. Les chandelles sont séparées des tiges et coupées à l'aide d'un instrument traditionnel de récolte appelé "ngobou ou ngobane", ou d'un couteau ordinaire (Mbengue, 1987). La teneur en eau des épis est assez élevée mais le séchage permet de déshydrater les produits jusqu'à ce que leur métabolisme et celui des microorganismes associés soient fortement ralentis. Les épis sont séchés au champ, soit à même le sol (figure 3), soit sur un lit de paille, soit encore sur claies surélevées (perroquets) où les bottes sont entreposées, ou bien sur des séchoirs (cribs) orientés perpendiculairement à la direction du vent.

Dans ces conditions, le séchage dure 7 à 8 semaines et les grains font l'objet d'attaques de la part des rongeurs, des oiseaux et des insectes (Mbengue, 1987). Après le séchage, la récolte est conservée par le paysan pour servir de nourriture, de vente mais aussi pour constituer ses semences de l'année suivante. Le stockage en épis ou en panicule dans des greniers en fibres végétales tressées était le plus répandu au Sénégal (Mbengue, 1990).

Le stockage en grains s'effectue dans des sacs. La partie servant de nourriture est décortiquée, ce qui permet de débarrasser le grain de ses enveloppes, et par la mouture qui le réduit en particules plus ou moins fines. Le produit est ensuite vanné, lavé et ressuyé pour subir une fermentation et être pilé à nouveau puis tamisé pour donner des semoules qui, reconditionnées, serviront à la préparation de divers mets (Mbengue, 1990). Il y a peu d'échanges au niveau du commerce international, la production étant le plus souvent autoconsommée.

Dans le bassin arachidier, le prix du mil varie en fonction des périodes. Selon Ouédraogo et Sidibé (1991), quatre périodes dans le bassin arachidier montrent l'existence des indices saisonniers du prix du mil aux producteurs : la phase de saturation allant du début de la

campagne effective de la commercialisation de l'arachide (octobre à décembre), la phase de la commercialisation effective de l'arachide (janvier à mars) où on a une remontée des prix de mil, la période de préparation des cultures (Avril à juin) quand les producteurs ont besoin de liquidité pour financer les semences d'arachide, surtout que depuis 1985-86 l'état n'en distribue presque plus. Au cours de cette période, le mil est relativement plus disponible dans les marchés et son prix tend à baisser. La période de soudure (juillet-août) voit les prix du mil remonter à un niveau maximum relatif ou absolu, et baisser ensuite en septembre avant la récolte suivante.

Figure 2. Stockage de mil en épis au champ.

I.1.1.1.5 Contraintes liées à la culture du mil

Les contraintes liées à la culture du mil sont multiples et variées :

- Les contraintes abiotiques : Elles sont constituées essentiellement par les contraintes édaphiques et climatiques : les contraintes édaphiques sont dues essentiellement à la pauvreté des sols en substances minérales et organiques et celles climatiques portent pour l'essentiel sur l'irrégularité des pluies, leur insuffisance et leur mauvaise répartition dans le temps et dans l'espace (Dabre, 2008).

- Les contraintes biotiques : Elles concernent les maladies, les adventices et les insectes ravageurs. Les maladies du mil sont généralement bien réparties dans toute la zone sahélienne de l'Afrique de l'Ouest. Le mildiou (*Sclerospora graminicola*) est sans doute l'agent le plus fréquemment identifié comme le plus dangereux. L'ergot est une maladie du mil due à une moisissure qui infeste certaines graminées. En zone sahélienne de l'Afrique de l'Ouest, les adventices constituent un grand problème pour la culture du mil (Dabre, 2008). Dans la flore des mauvaises herbes, nous avons le genre *Striga* tel que *Striga hermonthica* qui cause des dégâts importants surtout dans des champs exploités de façon

continue. Toutes les parties de la plante sont attaquées : la chandelle est essentiellement attaquée par le groupe des chenilles mineuses (*Heliocheilus albipunctella de Joannis*) et la tige par le groupe des foreurs de tige (*Coniesta ignefusalis* et *Sesamia calamistis*). Il y a aussi le groupe des diptères ravageurs du mil, la chenille poilue du niébé, *Amsacta sp*. devenue nuisible au mil. Seck (1994) rapporte qu'au moins quinze espèces d'insectes s'attaquent aux stocks de céréales vivrières en milieu rural et parmi les principales espèces, quatre Coléoptères tels que *Sitophilus zeamais* Motsch., *S. oryzae* (L), *Rhyzopertha dominica* (F.) et *T. castaneum* (Herbst) ainsi que trois Lépidoptères, *Sitotroga cerealella* (Oliv.), *Ephestia cautella* (WLK) et *Corcyra cephalonica* (Staint.) sont particulièrement importants.

Figure 3. Mil infesté par Corcyra cephalonica

I.1.2 Le Riz :

Avec plus de 530 millions de tonnes de paddy récoltées sur près de 150 millions d'hectares, le riz se situe au deuxième rang des productions céréalières au monde, derrière le blé. C'est la Chine qui, avec 35,4%, est le premier producteur mondial, l'Afrique n'intervenant que pour 2,4% ce qui correspond à 12,7 millions de tonnes produites sur 6,8 millions d'hectares (FAO, 1993). Au vu de ces chiffres, il apparaît donc tout naturel que l'existence d'une espèce cultivée d'origine africaine soit ignorée de presque tous. Néanmoins, c'est en Afrique que l'augmentation de la consommation est la plus forte, ceci étant principalement dû à un exode rural très important. Pour les populations urbaines en expansion, le riz devient l'aliment de base, bien que représentant très souvent un changement d'habitudes alimentaires. Cette situation est d'autre part favorisée par les nombreux avantages que présente le riz pour les circuits de distribution (facilités de conditionnement, de manutention, de conservation...). Le riz cultivé d'origine africaine (*Oryza glaberrima* Steud.) et la riziculture qui s'y rattache existaient très certainement avant l'introduction en Afrique du riz cultivé asiatique (*Oryza sativa* L.). Ce riz aurait été

domestiqué en Afrique de l'Ouest dans une zone aujourd'hui désertique mais qui, il y a 6000 ans, était encore très humide et où l'existence de nombreux lacs et mares pouvait permettre sa culture (Bezançon, 1994). Devant l'invasion des rizières d'Afrique par les variétés de riz asiatique, l'espèce cultivée d'origine africaine arrive néanmoins à se maintenir, ceci grâce à l'amélioration des techniques agricoles traditionnelles et à l'expérience des paysans africains dont les pratiques empiriques de sélection n'ont été appliquées qu'à petite échelle (espace et temps) par rapport à ce qui s'est passé en Asie. En effet, les variétés asiatiques ont, depuis des siècles, bénéficié d'efforts importants dans le domaine de l'amélioration raisonnée ainsi que dans celui des techniques culturales. Dans ces conditions, la comparaison entre les rendements des riz africains et ceux des riz asiatiques n'a de signification que dans le cas de certaines pratiques culturales comme par exemple la riziculture d'immersion profonde. Néanmoins, la force culturelle de certaines ethnies, les particularités des conditions climatiques et écologiques que l'on peut rencontrer en Afrique, ont réussi à maintenir sur ce continent une riziculture et des variétés de riz qui lui sont propres (Bezançon, 1995).

I.1.2.1 Systématique, morphologie, origine, distribution et production du riz

I.1.2.1.1 Systématique

Le riz est une céréale de la famille des graminées et du tribu des oryzées (Megan et McCouch, 2007). Les riz appartiennent au genre *Oryza* qui comprend 23 espèces dont deux sont cultivées : *Oryza sativa* L., originaire d'Asie et *Oryza glaberrima* Steud., originaire d'Afrique. De nombreuses classifications de ces espèces en complexes, en tribus, et en séries ont été réalisées et elles se recoupent plus ou moins les unes les autres. La base de cette classification est l'organisation du génome (ploïdie et niveau d'homologie des génomes), mais elle est cohérente avec les caractéristiques morphologiques observées chez ces différentes espèces (Vaughan et *al.*, 2003).

Tableau 1. Systématique du riz

Complexes	Groupe	Chromosomes/Génome
O. sativa	*O. sativa* L*	*24 / AA*
	O. rufipogon	*24 / AA*
	O. glaberrima Steud.*	*24 / AA*
	O. barthii A	*24 / AA*
	O. longistaminata	*24 / AA*
	O. meridionalis Ng.	*24 / AA*
	O. glumaepatula Steud.	*24 / AA*
O. officinalis	*O. officinalis* Wall	*24 / CC*
	O. munita	*48 / BBCC*
	O. rhizomatis	*24 / CC*
	O. eichingeri	*24 / CC*
	O. malapuzhaens	*48 / BBCC*
	O. punctata	*24 / BB, 48 / BBCC*
	O. lanfolta	*48 / CCDD*
	O. alta	*48 / CCDD*
	O. glandiglumis	*48 / CCDD*
	O. australiensis	*24 / EE*
	O. schlechteri	*48 / Inconnu*
O. ridleyi	*O. ridleyi*	*48 / HHJJ*
	O. longiglumis	*48 / HHJJ*
O. granulate	*O. granulate*	*48 / GG*
	O. meyeriana	*48 / GG*
	O brachyantha	*48 / FF*

Source : Vaughan et *al.* (2003) ; (*) : espèce cultivée

I.1.2.1.2 Morphologie

Nous nous baserons sur la classification des Oryzées selon Roschevicz (d'après Çoyaud, 1950) et retiendrons la définition du complexe *glaberrima* donnée par Tateoka (1964) pour décrire la morphologie du riz. Les trois espèces qui nous intéressent ici appartiennent à la famille des Graminées, tribu des Oryzaea, genre *Oryza*, section Euoryza. Elles sont diploïdes avec 2n = 24 chromosomes, annuelles et très préférentiellement autogames.

– *O. Glaberrima Steud*. C'est l'espèce cultivée. Sa taille peut varier de 0,5 à 1 mètre en conditions de culture pluviale ou irriguée mais peut atteindre 2 ou 3 mètres en conditions de culture flottante et les tiges portent alors des ramifications. L'articulation de la feuille se fait avec des oreillettes, le limbe foliaire est linéaire lancéolé, la ligule courte (3-4 mm) est orbiculée, l'inflorescence est une panicule compacte qui reste érigée à maturité et très peu ramifiée (ramifications primaires et secondaires portant les épillets). Les épillets sont oblongs orbiculés et les glumes, souvent à l'état très réduit, peuvent, chez certaines variétés, dépasser la taille du grain. Les glumelles glabres ou non peuvent être colorées. La glumelle inférieure (lemma) est nervurée et ne possède pas de barbe (arête) de façon générale, la glumelle supérieure (palea) présente un petit bec. La fleur est composée d'un ovaire prolongé

par deux stigmates plumeux, et entouré de six étamines. Le caryopse fréquemment pigmenté ne dépasse que très rarement 9 millimètres de long. L'égrenage spontané est assez marqué.

– *O. Breviligulata* A. Chev. et Roehr. Cette espèce est l'ancêtre présumé de l'espèce cultivée *O. glaberrima*. Elle existe à l'état d'adventice dans les rizières ou dans les zones perturbées par l'homme et sous sa forme spontanée ne diffère de l'espèce cultivée que sur les points suivants : l'épillet est plus allongé, et la longueur du caryopse peut dépasser 10 millimètres ; la lemma est prolongée par une très longue arête (10-20 cm), forte, denticulée et cassante ; la couleur du caryopse varie du vert très pâle au rose ; la non-adhérence au rachis des épillets est très marquée et l'égrenage spontané intervient généralement avant la maturation complète du grain. La forme spontanée est typique des mares temporaires sur cuirasse latéritique ou sur sol limoneux, en savane soudano-sahélienne d'Afrique de l'Ouest (du Sénégal jusqu'au lac Tchad ainsi qu'au Soudan et au Nord-Cameroun en passant par la Guinée, la Côte d'Ivoire, le Burkina Faso, le Mali et le Niger) ou encore dans la savane à Miombo (*Brachystegia sp., Isoberlenia sp.*) de Tanzanie et dans la savane à Mopane (*Colophospermum mopane*) de Zambie et du Botswana, et présente donc une répartition géographique plus large que celle d'*O. glaberrima*.

– *O. Stapfii* Roschev. Cette espèce a souvent fait l'objet de divergences d'un point de vue taxonomique (Portères, 1956 ; Morishima et *al*, 1963 ; Tateoka, 1964 ; Bardenas et Chang, 1966) et bien que nous ne la retenions pas comme une espèce à part entière (Bezançon, 1994), nous la présentons ici au même rang qu'*O. glaberrima* et *O. breviligulata* afin de faciliter la correspondance avec les différentes classifications botaniques et agrobotaniques au sein de cet ensemble des formes annuelles autogames d'origine africaine (Roschevicz, 1931 ; Chevalier, 1932 et 1937 ; Viguier, 1938 ; Portères, 1956). Elle est essentiellement caractérisée par des épillets hispides et longuement aristés mais moins que ceux d'*O. breviligulata*. Pour Roschevicz (1931) cette espèce est considérée comme spontanée mais pouvant vivre dans les rizières à *O. glaberrima* tout comme *O. longistaminata* et *O. breviligulata.*

I.1.2.1.3 Origine et distribution du riz :

L'existence d'une riziculture ouest-africaine antérieure à l'introduction de l'espèce asiatique *O. sativa* sur le continent africain trouve des preuves dans les plus anciens récits des historiens et des premiers grands voyageurs qui ont vu ce riz, et qui racontent où et comment il poussait, ou encore combien il représentait un produit de très grande importance pour la nourriture des

hommes et des animaux (Bezançon, 1995). Nous pouvons citer ici les écrits de Strabon (Ve siècle avant J.-C.) dans son ouvrage intitulé Géographia (voir Laporte du Theil, 1819), Hérodote au Ier après J.-C. (voir Larcher, 1932), Jean-Léon l'Africain dans sa Description de l'Afrique (voir Epaulard, 1980), Eustache de la Fosse (voir Mauny, 1949) ou encore la relation par Ibn Battûta de ses Voyages, vers 1350 (voir Ibn Battûta, 1982). On peut également se reporter aux études de Chevalier (1932), Portères (1950), Lewicki et Johnson (1974) et Carpenter (1978). Enfin, il nous faut signaler les recherches archéologiques conduites pendant plusieurs années par Mclntosch et son équipe dans la région de Djénné, en plein cœur du delta central du fleuve Niger au Mali, qui ont permis d'identifier avec certitude, sur certains lieux de fouille, des glumelles de graines d'*O. glaberrima* et d'*O. breviligulata* et de situer leur origine au tout début de l'ère chrétienne. Ceci représente la plus ancienne datation connue pour ces espèces (Mclntosch et *al*, 1981, 1992 et communications personnelles). Portères (1956) partage en deux la zone de culture d'*O. glaberrima* :

- une région de culture continue ancienne qui au nord, s'étend de l'extrême ouest de l'Afrique jusqu'au delta intérieur du fleuve Niger et qui au sud est limitée par la côte atlantique jusqu'à la Côte d'Ivoire,
- une région de culture discontinue, plus récente, qui couvre les territoires situés entre les bassins de la Volta et de la Bénoué. Il définit cette aire culturale d'*O. glaberrima* comme le "Domaine rizicole ancien", antérieur à l'arrivée du riz asiatique *O. sativa*, mais on remarquera qu'il ne mentionne pas la présence d'*O. glaberrima* en Afrique de l'Est alors que cette espèce est encore présente dans certaines rizières des îles tanzaniennes (voir plus haut).

Les différentes étapes de l'introduction d'*O. sativa* sur le continent africain peuvent être résumées de la façon suivante (Bezançon, 1995) :

- profitant des courants de moussons, ce sont les Malayo-polynésiens (Carpenter, 1978) qui durant les derniers siècles avant notre ère auraient atteint 111e de Madagascar où ils ont développé une riziculture très élaborée avec construction de terrasses ; la pénétration du riz vers l'intérieur du continent aurait alors suivi le bassin du Zambèze, puis la voie des grands lacs pour atteindre le bassin du Congo et enfin la partie ouest de l'Afrique (Purseglove, 1976) ; une autre voie d'introduction par les côtes, plus tardive (vers le Xe siècle), est envisagée à partir de l'Inde et du Sri Lanka en empruntant une voie plus au nord par Oman et la Somalie pour finalement longer la côte est-africaine jusqu'au Mozambique : cette introduction serait

imputable, en partie, aux peuples arabes (Schnell, 1957). Cet itinéraire sera partiellement suivi plus tard par les grands navigateurs européens ;

– la vague la plus marquante de la migration, et pour laquelle il ne subsiste aucun doute, fut celle que l'on doit aux grands navigateurs (à partir de la fin du XVe siècle) d'abord portugais, puis hollandais, français et britanniques en route vers leurs ports d'attache européens à leur retour d'Asie et qui ont déposé le riz sur les côtes est et ouest de l'Afrique (Portères, 1950). Le riz représentait pour les hommes de la mer de cette époque un aliment pouvant se conserver facilement et pendant une longue durée, le cas échéant servant de monnaie d'échange ;

– enfin nous signalerons les importations massives de variétés très améliorées en provenance d'Asie mais aussi d'Amérique à partir de la deuxième moitié du XXe siècle.

I.1.2.1.4 Production du riz :

La population de consommateurs de riz augmente de 1,8 % par an. La production annuelle actuelle de riz est de 560 millions de tonnes et devrait être portée à 850 millions de tonnes d'ici 2025. Ainsi, des variétés de riz ayant un potentiel de rendement et une stabilité de rendement plus élevés sont nécessaire pour relever les défis de l'augmentation de la production de riz et répondre aux besoins d'une population mondiale grandissante (Khush, 1997). Environ 85 % de la superficie totale du riz se trouve dans cinq pays d'Asie, à savoir la Chine, l'Inde, l'Indonésie, le Bangladesh et les Philippines. Comparativement, l'Afrique n'a que 8 % (FAOSTAT, 2016). La production rizicole est largement influencée par le potentiel de rendement des variétés de riz. Par conséquent, l'amélioration du potentiel de rendement du riz est la principale stratégie pour accroître la production mondiale de riz (Khush, 2013). Le riz est cultivé et consommé dans 38 pays d'Afrique subsaharienne. La production locale de riz ne peut pas répondre à la demande croissante de riz dans de nombreux pays africains (Balasubramanian et *al.*, 2007). Par conséquent, toute augmentation de la production nationale de riz provient d'une expansion de la superficie plutôt que d'une augmentation substantielle de la productivité. Le riz est cultivé dans diverses conditions de croissance. Quatre grands écosystèmes sont généralement reconnus : la riziculture irriguée, la riziculture inondée, la riziculture pluviale et la riziculture de submersion profonde. La superficie rizicole se distingue selon les écosystèmes rizicoles dans différentes régions du monde (Khush, 1997). Nous nous attacherons à décrire ici les différents types de riziculture dite "traditionnelle" comme on peut les observer actuellement dans de nombreuses régions rizicoles d'Afrique de l'Ouest. S'il est généralement admis que les variétés

d'*O. glaberrima* présentent une diversité moindre que celles d'*O. sativa*, les deux espèces ont été rencontrées dans tous les types de rizières. Toutefois *O. glaberrima* est très majoritaire dans les zones très inondées, là où les mouvements de crue ne sont pas du tout contrôlés et où l'on pratique surtout une riziculture d'immersion profonde et prolongée (type flottant), alors qu'*O. sativa* est très majoritaire dans les zones où l'on pratique une riziculture aux techniques plus élaborées avec irrigation contrôlée, comme dans la zone de mangrove. Le système de culture est essentiellement lié aux possibilités d'inondation donc à la pluviométrie et à la topographie. Ainsi nous pouvons classer les types de riziculture en trois grandes catégories : la riziculture pluviale sans aucune submersion, la riziculture sur sols hydromorphes et enfin la riziculture inondée (avec submersion plus ou moins importante). Cette classification qui ne fait intervenir que les caractéristiques du milieu physique apparaissent relativement simple. Mais si l'on fait intervenir le critère "contrôle de l'eau", les subdivisions deviennent plus subtiles et le recensement devient beaucoup plus délicat. On remarque en effet que lorsque la maîtrise de l'eau est imparfaite, il est impossible de faire la distinction entre les trois types suivants de riziculture : flottante, immersion profonde et immersion superficielle. Cette difficulté est due à la crue qui d'une année sur l'autre n'a pas la même intensité ; de ce fait une zone ensemencée avec une variété de type flottant peut-être considérée, si la crue est de faible intensité, comme une rizière superficielle, et comme une rizière de type flottant si la crue est de forte intensité (Bezançon, 1995). L'espèce annuelle *Oryza glaberrima* Steud. est aujourd'hui encore cultivée par les paysans africains vivant dans les écosystèmes marginaux qui parsèment le continent, du Sénégal à Zanzibar, dans une multitude d'environnements climatiques et hydrologiques, et singulièrement en Afrique de l'Ouest. Au Sénégal, l'espèce *Oryza glaberrima* est cultivée en Moyenne et Haute-Casamance, dans les îles du Saloum et dans le sud du bassin arachidier. Créé en 1824 par le Baron Roger, le premier jardin expérimental a été confié à un jardinier pépiniériste du nom de Richard, qui léguera son nom à la ville de Richard-Toll (le champ de Richard). D'autres structures visant les mêmes objectifs ont été créées : les stations de recherches rizicoles de Séfa en Moyenne-Casamance, en 1949, de Richard-Toll, en 1961, et de Djibélor en Basse-Casamance, en 1967 (Diouf, 2005).

I.1.2.2 Variabilité génétique et groupes de cultivars du riz

Le plus souvent le champ de riz n'est pas constitué d'une variété homogène mais d'un ensemble de formes appartenant à une même espèce ou aux deux espèces cultivées présentes en Afrique et qui se rencontrent fréquemment en mélange dans le même champ : aux yeux du paysan, cet ensemble constitue la variété (Bezançon, 1995). Si dans certains cas on peut expliquer cette

situation par le hasard, la négligence ou le manque de soins de la part du riziculteur, le plus souvent c'est au contraire son bon sens qu'il faut mettre en avant. En effet, le paysan préfère cultiver ce mélange qu'il entretient et qu'il reproduit chaque année, plutôt qu'une variété homogène. Pour lui ce cultivar "composite" présente les qualités de rusticité, de tolérance aux agressions extérieures qui lui permettent de s'adapter aux variations des conditions physiques et climatiques du milieu. Cette attitude qui peut être qualifiée de prudente est aussi interprétée par certains vieux cultivateurs comme une coutume des temps d'extrême pauvreté, chacun échangeant quelques kilos de semences avec ses voisins, le seul souci étant de ne pas mélanger des variétés ayant des maturations décalées (Bezançon, 1995). Portères (1957) a particulièrement étudié ces mélanges ou compositions variétales : il parlait de "compagnonnage agraire". Plus de 30 années après ses observations, malgré le nombre important de variétés modernes sélectionnées (toutes plus prometteuses les unes que les autres) qui ont pu être proposées aux riziculteurs ouest-africains, il est encore possible aujourd'hui d'observer ces mélanges. Ils sont réalisés sur la base d'un certain nombre de caractéristiques communes à chacun des composants : caractères morphologiques et agronomiques (hauteur de la plante, longueur du cycle, couleur des glumelles, ...) ou écologiques (culture de bas-fond, de type pluvial, sur sol argileux, ...). Pour un certain nombre de variétés, une analyse de leur structure génétique a été réalisée (Miezan et Ghesquière, 1986), qui a montré que cette structure en "mosaïque" est beaucoup plus marquée chez les cultivars de l'espèce africaine *O. glaberrima* que chez ceux de l'espèce asiatique introduite *O. sativa*. Nous pouvons rapprocher ce système de culture basé sur l'utilisation de "variétés composites" du système de riziculture par "franges univariétales" décrit par Portères (1949). Il s'agit dans ce cas de répondre aux problèmes posés par l'absence de nivellement et par le manque de contrôle de l'eau qui entraînent une immersion irrégulière et imprévisible des rizières. Aussi, grâce à l'utilisation de 5 ou 6 variétés, la culture suit les lignes de niveau en formant des franges "oryzo-aquatiques monotypiques". Cela va de la variété adaptée aux terres spongieuses, bourbeuses et sans lame d'eau permanente des franges supérieures (exemple des variétés de type Fossa avec un cycle de 140 à 160 jours), jusqu'aux variétés de type flottant adaptées au fond de la plaine et supportant une immersion pouvant atteindre 2,5 ou 3 mètres et dont le cycle se situe entre 200 et 220 jours. Pour l'amélioration et la sélection variétales, beaucoup de travaux ont été réalisés par l'ORSTOM (Institut français de recherche scientifique pour le développement en coopération), l'IRAT (Institut de recherches agronomiques tropicales et des cultures vivrières), l'ADRAO (Association pour le développement de la riziculture en Afrique de l'Ouest) et l'ISRA (Institut sénégalais de recherches agricoles) (Bezançon, 1995).

La région du Fleuve : En matière d'introduction, d'hybridation et de mutagenèse, les premiers travaux remontent aux années 1950 (Magne, 1975, Diouf et Fall, 2005). Tous les acquis en la matière ont fait l'objet d'une synthèse (Poisson, 1970). Durant la période 1976-1986, beaucoup de variétés ont été vulgarisées au Sénégal et dans la sous-région par l'ADRAO (Coly et Godderis, 1986, Diouf et Fall, 2005). Dans le cadre de ses activités de recherche, le programme sur le riz irrigué de l'ADRAO, basé au Sénégal, a obtenu d'importants résultats. Trois variétés ont été homologuées : Sahel 108, à cycle court, Sahel 201 et Sahel 202, à cycle moyen. Six nouvelles variétés dont trois de cycle court (100 j) et trois de cycle moyen (125 j) sont en cours d'évaluation en vue de leur homologation. Une vingtaine de variétés de riz aromatiques (parfum naturel) à forte valeur marchande ont été sélectionnées entre le Basmati et des variétés irriguées (Jaya, Sahel 108) de la sous-région ouest-africaine.

La Casamance : En amélioration variétale, deux séries de variétés issues de croisements entre des variétés locales et des variétés introduites, portant les noms de leurs stations de création (SE pour Séfa et DJ pour Djibélor) ont été mises au point par Magne (1975). Parmi ces variétés on peut citer : SE319G, SE302G, SE152G, SE288D, DJ8-341, DJ11-509, DJ11-510, DJ12-223, DJ12-539, DJ346D et DJ684D. Bèye (1997) a fait homologuer dix variétés : DJ8-341, DJ11-509, Tox 7281, ITA123, BG90-2, BW248-1, BR51-46-5, WAR1, WAR77-3-2-2 et WAR81-2-1-3-2 (Diouf et Fall, 2005).

Figure 4. *Oryza sativa*, Graminées (LO, 2017).

I.1.2.3 Pratiques culturales et commercialisation

I.1.2.3.1 Pratiques culturales :

Le riz doit être semé à une densité optimale avec une bonne gestion du sol. Une utilisation équilibrée des engrais et une irrigation adaptée contribuent à la résolution de différents problèmes phytosanitaires (Lamrani et *al.*, 2012). La culture intercalaire de variétés de riz augmente l'efficacité de la lutte contre la pyriculariose en réduisant la probabilité de son

occurrence (Han et *al.*, 2016). L'apport réduit d'azoté (Matsuyama, 1975) est la méthode de lutte la plus employée contre la pyriculariose de riz. Au Maroc, la plupart des variétés de riz cultivées sont sensibles à plusieurs espèces fongiques (Lamrani et al., 2012). Les variétés Elio et Thaibonnet sont actuellement les variétés les plus cultivées par les riziculteurs marocains et elles ont un bon niveau de résistance partielle à la pyriculariose du riz (El Guilli et *al.*, 2000). L'établissement des cultures est un facteur clé dans la détermination des résultats des interactions entre mauvaises herbes et cultures et des mesures préventives de gestion des mauvaises herbes. L'établissement des cultures peut être amélioré grâce au labour du sol, au nivellement des terres, à l'utilisation de semences propres et certifiées, et à la gestion des nutriments en temps opportun. De telles pratiques de gestion intégrée de la culture du riz peuvent réduire les problèmes d'herbe dans les rizières des terres humides et ont montré qu'elles augmentaient leur productivité de 4 à 25 % selon le niveau de contrôle de l'eau (Becker et Johnson, 1999). Cependant, l'application d'azote sans gestion appropriée des mauvaises herbes améliore la vigueur et la capacité compétitive des mauvaises herbes (FAO, 2003). Selon Miézan et *al.*, (1997), comparé au semis direct, le repiquage permet d'économiser les semences, de réduire la période que le champ sera occupé, et plus important, il offre à la culture un avantage. D'après Gitsopoulos et Froud-Williams, (2004) pour la lutte contre *E. crus-galli*, l'inondation est une méthode recommandée de lutte contre les mauvaises herbes dans les rizières en raison de conditions anaérobies.

I.1.2.3.2 Commercialisation :

Le marché mondial du riz [2] est caractérisé par une forte concentration dans sa partie offre. En effet, les quatre principaux pays exportateurs (Thaïlande, Vietnam, Inde et USA) concentrent plus de 70% du volume des exportations. D'ailleurs, ces 20 dernières années, ces pays ont occupé les premières places, même si d'une année à une autre leur position relative peut changer [3]. Cette concentration apparait davantage lorsqu'on souligne que les 10 principaux pays exportateurs assurent plus de 90% du volume mondial de riz exporté. Contrairement aux exportations, la partie demande du marché mondial du riz est très fragmentée. Les 10 premiers importateurs de riz ne sont concernés que par 40% du commerce mondial du riz. Cette demande est cependant fortement concentrée en Asie et en Afrique, ces deux régions partageant 80% de la demande de riz commercialisé. En Afrique, la demande provient essentiellement du Nigéria, de la Côte d'Ivoire, de l'Afrique du Sud et du Sénégal. Le marché mondial du riz est également caractérisé par une structure très segmentée. Il existe plusieurs sous marchés distincts en fonction de la variété, de la qualité du grain ou du degré de transformation. Sur la base de la

variété, l'on distingue quatre riz distincts : la variété Indica (un riz long grain) ; le riz Japonica (un grain moyen, qui est collant et humide lors de la cuisson) ; la variété aromatique (un grain long, variété parfumée) ; et le riz glutineux. Le riz Indica occupe une position de leader sur le marché international avec 75% du marché. Les variétés aromatiques avec 12% de parts de marché ont connu une forte croissance au cours des années 2000 du fait de la demande en riz Basmati par l'Union Européenne, les Etats-Unis, le Canada et l'Australie ainsi que les percées de la variété de riz parfumé de Thaïlande (Hom Mali) sous forme de brisures de riz livrées en quantités importantes aux pays d'Afrique, en particulier à la Côte d'Ivoire, au Sénégal et au Ghana. En fonction de la qualité, la FAO considère le riz contenant moins de 20% de brisures comme étant de « qualité supérieure » tandis que celui contenant 20% ou plus de brisures est de « qualité inférieure ». C'est ainsi que le commerce mondial est dominé par du riz de haute qualité (moins de 20% de brisures) représentant 75% des volumes échangés. Cependant, les tendances récentes reflètent une croissance du commerce du riz de qualité inférieure avec une forte demande d'importation des pays d'Afrique de l'Ouest (Sénégal, Côte d'Ivoire, Nigéria) et d'Asie du Sud Est (Indonésie, Philippines). La segmentation du marché mondial du riz sur la base du degré de transformation fait ressortir une prépondérance du marché du riz blanchi sur 77% du marché global.

[2] Cette section s'appuie principalement sur les travaux suivants : Calpe (2004) ; Aglietta M. et C. Emlinger, (2011) ; FAO (2004) et FAO (2014).

[3] Ces deux dernières années, l'Inde a d'ailleurs supplanté la Thaïlande comme premier exportateur mondial du fait principalement des politiques de soutien interne en faveur des producteurs qui ont un peu obéré la compétitivité du produit Thaï.

La commercialisation sous forme de paddy, décortiqué ou de riz étuvé a néanmoins connu des avancées du fait des politiques de régulation aussi bien dans les pays exportateurs que dans les pays acheteurs (structures tarifaires, restriction ou interdictions). On le voit, le marché du riz est fragmenté en un grand nombre de variétés et de qualités qui sont difficilement interchangeables en raison des préférences assez marquées des consommateurs. En plus, le commerce du riz est caractérisé par l'étroitesse du marché. Ces dernières années, 7 à 8% de la production mondiale font l'objet de commercialisation. Il y a eu une évolution positive notable dans le commerce du riz car les parts commercialisées se situaient à peine à 4% dans les années 1980. Le riz est un produit sous contrat entre le producteur et la rizerie. Cette dernière accorde aux riziculteurs, à crédit remboursable à la récolte, les facteurs suivants : les semences, les engrais et les avances pour le paiement de la main d'œuvre. La production réceptionnée est payée par les rizeries selon un barème d'agréage aux prix moyens allant de 280 à 380 Dh/q (ORMVAG, 2013). Ces volets relatifs au prix et au système d'agréage constituent un problème majeur entre les rizeries et les producteurs. Ces derniers accusent les usines de pratiquer des taux de défalcation trop élevés sur l'humidité et les impuretés.

I.1.2.4 Contraintes liées à la culture du riz

Dans la production de riz, les mauvaises herbes, les animaux nuisibles et les agents pathogènes, en particulier la pyriculariose du riz (*Pyricularia oryzae*) et l'helminthosporiose du riz (*Helminthosporium oryzae*), sont régulièrement d'une grande importance économique. Oerke (2006) a estimé les pertes potentielles de ces nuisibles à 37, 25 et 13 %, respectivement. Les prospections dans les rizières au Maroc ont permis (Tajani et *al*., 2001) d'identifier ces maladies fongiques dominantes mais leurs effets sur le rendement n'y sont pas connus. Au Sénégal, le riz représente 34 % du volume de la consommation céréalière, mais la production nationale couvre à peine 25 % des besoins, qui s'élèvent à 600 000 t/an (RORAO, 2000). Malgré la disponibilité en terres aménagées et en eau en toutes saisons, la production reste encore très faible et ne dépasse pas 130 000 t de riz usiné. Les rendements moyens se situent entre 4 et 5 t/ha, alors que leurs potentiels sont estimés entre 8 et 10 t/ha. Les régions de culture nord, sud, Sine-Saloum, présentent des contraintes, qui ont des effets négatifs sur la production rizicole (Diouf et Fall, 2005) :

- les contraintes climatiques liées à la sécheresse, aux températures extrêmes et aux vents chauds et secs chargés de sable (Harmattan) ;
- les contraintes édaphiques liées à la nature des sols (forte teneur en argile dans la vallée du fleuve Sénégal, faible teneur en argile dans le sud assimilable à des fondés légers), à la

salinité, à l'acidité, aux carences en éléments nutritifs assimilables par les plantes et à la toxicité d'éléments en excès (Casamance) ;

– les contraintes biotiques liées aux parasites, aux maladies, aux adventices et aux oiseaux (parc de Djoudj) ;

Figure 5. Riz en provenance d'un stationnement de conditionnement infesté par *Corcyra cephalonica*

– les contraintes techniques liées au non-respect des itinéraires techniques, à la faible technicité des producteurs, à la qualité des semences produites par les agriculteurs, à la vétusté et à l'insuffisance du matériel agricole et des équipements de transformation ;

– les contraintes socio-économiques et financières liées à la commercialisation, au manque de crédit d'investissement pour le renouvellement du matériel agricole, à la non annualisation du crédit de campagne, à l'absence de subvention et au coût élevé des facteurs de production.

I.1.2.5 Stockage des céréales

L'agriculteur est souvent amené à emmagasiner sur son exploitation une partie de sa récolte pour faire face aux besoins d'autoconsommation et de semences et à mettre l'autre partie en vente pour les besoins de liquidité. La conduite du stockage à la ferme est menée sous diverses formes dans des entrepôts enterrés (matmoras) ou aériens (silos paysans en roseaux, pièces pour le stockage en sacs ou en vrac). Les durées de stockage sont de quelques mois à une année. Ces types de stockage peuvent occasionner des pertes non négligeables lorsqu'ils ne sont pas bien contrôlés (Foua-Bi, 1990).

– Stockage dans les entrepôts souterrains : Dans les entrepôts souterrains, l'absence de revêtement adéquat ou l'utilisation de certains revêtements non étanches comme la paille

expose le produit entreposé aux contaminations par les eaux souterraines. Une étude comparative a été menée par le GERS (Groupe d'Etudes et de Recherche sur le Stockage) au Maroc pour évaluer les améliorations apportées par l'emploi de sacs étanches de plastique (polyéthylène) comme revêtement interne des matmoras. Cette recherche a prouvé que les taux de pertes de 20% rencontrés avec le revêtement paille peuvent être ramenés à une valeur voisine de 1 % par un revêtement avec des sacs de plastique étanches.

– Stockage dans les pièces : Le stockage dans des pièces se caractérise par l'emploi de sacs de plastique ou de jute ou par le déversement en vrac du produit dans le coin des pièces où ce dernier peut rester exposé aux attaques de rongeurs et d'insectes. On distingue souvent les pièces à usage multiple (PUM) et les pièces réservées uniquement au stockage. Les taux de pertes enregistrés s'accroissent avec la durée de séjour dans ces pièces où le contrôle du produit n'est pas aisé.

– Stockage dans les silos de roseaux : Ce genre de silos dont la capacité moyenne se situe autour de 10T est confectionné manuellement. Il est de forme grossièrement cylindrique avec une hauteur de 1,5 m environ et un diamètre de 1 m au sommet s'élargissant jusqu'à 1,20 à mi-hauteur. Il représente une enceinte aérée et une structure légère qui est généralement installée au sein d'une pièce. Le remplissage s'opère par déversement du grain par le dessus et la vidange peut se faire par un orifice placé en partie basse. Les techniques pratiquées par les agriculteurs pour la lutte contre les déprédateurs consistent à utiliser des plantes ou des revêtements insectifuges. Le recours aux revêtements protecteurs en argile ou en plastique est également pratiqué.

– Autres types de stockage : On rencontre également d'autres formes de stockage représentées par des silos de terre et de roseaux placés au-dessus des toitures des exploitations agricoles pour leur protection et aération, des enceintes de stockage en bois ou des fûts métalliques ou de grosses jarres de terre séchée au soleil. Ces unités de stockage sont particulièrement accessibles aux rongeurs. Le silo réalisé en jonc de terre est également très fréquent dans le milieu rural.

I.2 Le ravageur *Corcyra cephalonica* (Stainton)

I.2.1 Origine, taxonomie et répartition géographique

Corcyra cephalonica (pyrale du riz, teigne du riz ou teigne grise des grains) est un ravageur des denrées stockées. Cette Pyrale est très cosmopolite, elle se rencontre dans le sud de l'Allemagne, en Europe méridionale, en Islande, aux Indes, à Ceylan, au Soudan anglo-égyptien, au Nyassaland, à La Réunion, à San Thomé, au Bas-Sénégal, aux Etats-Unis, à Cuba, aux Antilles,

aux îles Seychelles, au Brésil. Elle est très abondante au Soudan français, dans le Haut-Sénégal et la Mauritanie du Sud, où nous la considérons comme devant se placer au premier rang des ravageurs des grains et denrées emmagasinés. Elle a été particulièrement bien étudiée, aux Etats-Unis, par Chittenden, auquel nous empruntons de nombreux détails (Vayssiére et Mimeur, 1925). C'est une espèce tropicale, qui peut aussi se rencontrer dans les silos chauffés des pays tempérés. C'est la « pyrale du riz », espèce très fréquente au Sénégal, aussi bien sur les grains de graminées vivrières, et en particulier que sur arachides (Mallamaire, 1965). Elle est de l'embranchement des arthropodes, de la classe des insectes, de l'ordre des Lépidoptères et de la Famille des Pyralidés. C'est le seul représentant de ce genre monotypique.

I.2.2 Morphologie

Le papillon : mâle, 16 millimètres ; femelle, 22 millimètres. Ailes supérieures gris uniforme, finement saupoudrées de noirâtre, les nervures marquées en noirâtre surtout près du bord ; ailes inférieures gris jaunâtre très clair ou blanchâtre, lisérées de brun. Tête blanche, thorax et abdomen gris brunâtre. On a décrit, sous le nom de translinella, une forme qui paraît n'être qu'une variété de *cephalonica* ; elle est plus foncée et les ailes supérieures sont traversées de deux lignes brunes diffuses bien visibles (Vayssiére et Mimeur, 1925).

Figure 6. *C. cephalonica* : a : Femelle, vue dorsale ; b : Femelle, vue ventrale ; c : Mâle, vue dorsale

L'œuf : Les œufs ont la couleur des perles ; ils sont variables en taille et ont généralement, à une extrémité, un petit mamelon bien apparent. Les œufs sont suffisamment gros pour être promptement vus sans le secours d'une loupe et ressemblent un peu à ceux de l'*Ephestia kuehniella* Zell. Les œufs sont de forme ovoïdes, très peu allongés, et mesurent 1 millimètre environ (Vayssiére et Mimeur, 1925).

Figure 7. Œufs de *C. cephalonica*

La chenille : A son complet développement, elle ressemble à celle de *Plodia interpunctella*. Les lignes de segmentation sont quelque peu foncées. La couleur générale varie du blanc au gris bleuâtre léger, sale, avec de longues teintes verdâtres. L'apparence sale de la chenille est due aux matériaux noirs avec lesquels elle s'alimente et que l'on aperçoit par transparence ; cela est particulièrement visible dans les premiers âges. Les chenilles qui se sont nourries de Riz sont plus près du blanc que celles qui se sont développées dans les préparations de Cacao. La tête, sans les mandibules, est tronquée antérieurement et subtronquée postérieurement. Sa couleur est plutôt d'un jaune foncé tirant sur le brun. La plaque thoracique est jaune pâle, bien tranchée à la suture et presque uniforme de couleur, tandis qu'elle est un peu plus foncée sur la marge extérieure. La plaque anale est très pâle, à peine plus foncée que les membranes inter-segmentaires. Les trois paires de pattes sont plutôt longues et proéminentes. Observés à la loupe, les stigmates et les tubercules pilifères sont très petits mais distincts et la pubescence, quoique clairsemée et de fine texture, est plutôt longue, quelques poils sont presque aussi longs que la largeur du corps. La longueur approximative est d'environ 13 millimètres, la plus grande largeur, 1 millimètre et demi (Vayssiére et Mimeur, 1925).

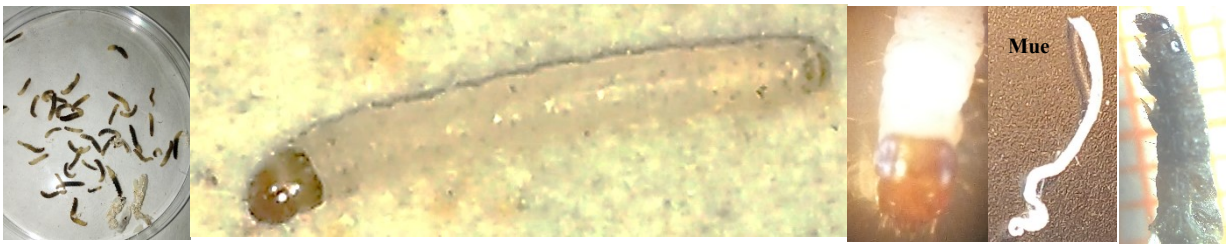


Figure 8. Larves de *C. cephalonica*

La chrysalide : Elle a l'apparence générale et ressemble à celle des autres Papillons se nourrissant de céréales. Sa couleur générale est jaune pâle et son aspect est robuste. Dans les spécimens frais, les yeux apparaissent simplement comme des aires circulaires, mais à l'approche de la transformation ils deviennent noirs. Les étuis des antennes recouvrent légèrement la marge postérieure. Les meilleurs caractères apparaissent sur le dos : les parallèles médianes sont presque noires et assez bien marquées. Les stigmates sont petits mais distincts ; le segment anal porte à l'apex quatre apophyses dont l'antérieure a l'aspect d'une courte épine. Naturellement il y a la même différence dans les proportions des chrysalides que dans les adultes : la longueur variant de 7,5 à 9 millimètres. Sur le point de se transformer, la chenille prépare un cocon en réunissant entre elles, avec des fils de soie, de nombreuses matières alimentaires aux dépens desquelles elle se nourrit (Vayssiére et Mimeur, 1925).

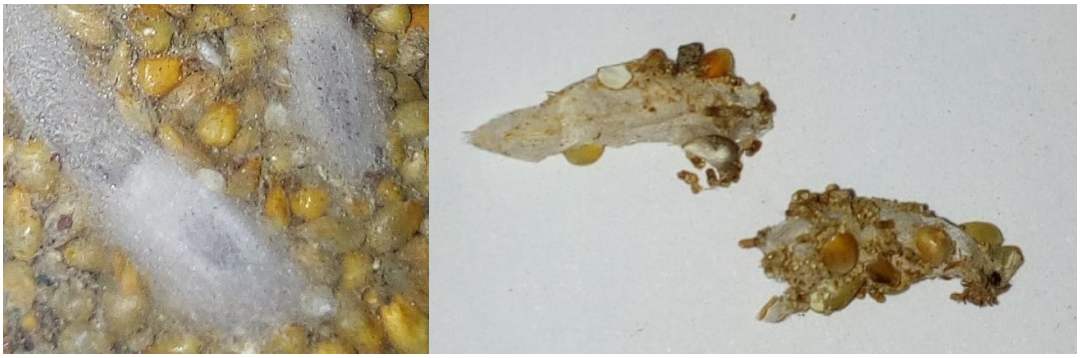


Figure 9. Nymphes de *C. cephalonica*

I.2.3 Bio-écologie

L'accouplement a généralement lieu la nuit même de l'éclosion ; la ponte commence la nuit suivante. Une femelle dépose 120 à 160 œufs (quantité la plus élevée observée a été 164 œufs) en trois ou quatre jours ; chaque ponte comprend un nombre variable d'œufs groupés et fixés sur les graines ou contre les parois des locaux (Vayssiére et Mimeur, 1925). Selon Nasrin (2016), il y a eu une différence significative sur le nombre d'œufs pondus par femelle lorsque les mites sont alimentées par différentes céréales. Compte tenu de la moyenne de trois générations, les œufs les plus élevés ont été posés par les femelles lorsque leurs larves se sont nourries de blé haché (115,6 œufs), de maïs haché (62,2 œufs) et de grain de maïs (52,2 œufs). D'autre part, les œufs les plus bas ont été posés par les femelles lorsque des larves ont été élevées sur un grain de riz (37,9 œufs) et une coquille de riz (29,2 œufs). Il indique que le paddy est l'hôte le plus préféré. Cela était probablement dû à la présence de trichome sur la surface du grain de riz qui empêche les femelles de mettre leurs œufs. Acevedo et Aviles (1985) ont obtenu un plus grand nombre de larves de grains polis par rapport aux non polies.

La chenille chrysalide dans un cocon feutré, soyeux, gris, très ténu, tissé sur un amas d'autres dépouilles nymphales, ou bien isolément, au milieu des graines, ou à l'intérieur d'une gousse. Le temps nécessaire au développement de *Corcyra* varie suivant la température ; en certains pays la forme adulte disparaît durant l'hiver. Dans le district de Matam, en mars-avril, la durée de l'incubation (durée de vie embryonnaire) oscille entre 4 et 6 jours (Vayssiére et Mimeur, 1925). La période d'incubation la plus élevée a été observée lorsque des larves de *C. cephalonica* ont été élevées sur une coquille de riz (5,8 jours), suivies d'un grain de riz (4,5 jours), d'un grain de maïs (4,4 jours), d'un maïs haché (4,2 jours), etc. La période d'incubation la plus faible a été observée dans le blé haché (2,8 jours), ce qui était significativement différent de celui du riz (3,5 jours). Par conséquent, la qualité des aliments affecte également l'incubation des œufs. Les matériaux alimentaires les plus pauvres peuvent prolonger la période

d'incubation, tandis que les aliments de meilleure qualité réduisent la période d'incubation (Nasrin et *al.,* 2016). Mbata (1989) a indiqué que le développement de *C. cephalonica* sur des aliments de qualité (maïs cassé et repas) raccourcit les périodes d'incubation et larvaire.

La durée du stade larvaire varie de 30 et 50 jours et celle du stade nymphal de 8 et 10 jours (Vayssiére et Mimeur, 1925). Les travaux de Nasrin et *al*. (2016) ont montré que la durée des larves était la plus élevée sur la coquille (45,9 jours) et le grain de riz (41,3 jours). D'autre part, la durée des larves était significativement la plus faible sur le blé haché (23,5 jours) suivie de céréales de blé (26,1 jours), de céréales de riz (29,8 jours), de cajou et de riz haché (33,5 jours), de maïs haché (36,4 jours) et le grain de maïs (40,9 jours). Les qualités de nourriture ont également un effet significatif sur la croissance des larves. La durée larvaire de *C. cephalonica* a été étudiée par plusieurs auteurs et il a été révélé que la durée de larve dans le sorgho a duré 45,56 jours avec un maximum de 111 jours (Ayyar, 1934). Seshagiri (1954) a déclaré une durée de larve de 47,57 jours sur les céréales et de 46 à 60 jours sur les légumineuses. Alam (1965) a observé la période avec une fourchette de 23 à 25 jours sur le blé, mais parfois il peut être prolongé jusqu'à 55 jours.

Le poids le plus élevé a été obtenu lorsque la larve s'est nourrie sur les matières alimentaires préférées, le blé haché (0,058 g), suivi de grains de blé (0,052 g), de grains de riz (0,042 g), de cajou et de riz haché (0,040 g), Maïs haché (0,037 g), grain de maïs (0,030 g). La durée de la pupe a également été significativement affectée par les qualités des matériaux alimentaires utilisés pour l'élevage de *C. cephalonica*.

La période de pupe la plus basse a été observée lorsque le blé haché a été utilisé comme aliment (9,1 jours) suivi d'un grain de blé (9,5 jours), du grain de riz (11,6 jours), de la coquille et du riz haché (13,1 jours), du maïs haché (14,7 jours), du grain de maïs (16,8 jours). D'autre part, la durée la plus élevée était nécessaire pour que la pupe devienne adulte lorsque la larve a été élevée sur un riz paddy (17,7 jours) et une coquille (17,9 jours) (Nasrin et *al.,* 2016). Ayyar (1934) a observé une période de pupe de 12 jours lorsqu'il a été cultivé sur du sorgho, Nicol (1935) a obtenu une période de pupe de 10 jours lorsqu'il était cultivé sur des grains de blé. D'autre part, Alam (1965) a observé une période de 10 jours de pupe lorsqu'il a été élevé sur du blé stocké. Le poids le plus élevé a été obtenu pour la pupe lorsque sa larve a été nourrie sur les matières alimentaires préférées, le blé haché (0,038 g), suivi de celles cultivées sur grains de blé (0,032 g), du riz (0,027 g), de la coquille, hachées Riz (0,023 g), maïs haché (0,021 g), grain de maïs (0,019 g) (Nasrin et *al.*, 2016). D'autre part, le poids de pupe le plus bas a été obtenu lorsque les larves ont été élevées sur un grain de riz (0,015 g) et une coquille de riz (0,016 g).

Comme la durée de pupe, le poids pupal a également été affecté positivement par les aliments préférés avec une meilleure qualité (Ayyar, 1934, Nicol, 1935).

Aux Etats-Unis, Chittenden a observé, durant les mois d'été, des cycles, d'œuf à œuf, de vingt-huit à quarante-deux jours. Au Sénégal et au Soudan, la saison froide ne semble pas arrêter l'évolution de *Corcyra cephalonica*, mais simplement augmenter la durée du cycle. Sitôt écloses, les jeunes larves sécrètent des soies qui réunissent entre elles les graines à leur portée, puis les perforent, les creusent et elles se nourrissent de leur amande. Un nombre important de grains sains sont liés aux grains évidés par un solide réseau soyeux (Vayssiére et Mimeur, 1925).

Le plus grand nombre d'adultes émergeaient des pupes lorsque leurs larves étaient élevées sur du blé haché (93,5%) et le poids de la pupe enregistré dans cette matière alimentaire était également le plus élevé. La tendance similaire a été suivie dans d'autres matières alimentaires. La plus faible émergence chez les adultes a été enregistrée à partir du grain de riz (48,9%) et de la coquille (42,0%) (Nasrin et *al.*, 2016).

La plus grande longévité de la mite masculine a été de 7,7 jours lorsque leurs larves ont été cultivées sur du blé haché suivi de 7,1 jours lors de leur alimentation sur le grain de blé, 6,6 jours sur le grain de riz, 6,4 jours dans la coquille et le riz haché, 6,2 jours avec le maïs haché et 5,5 jours sur le grain de maïs. D'autre part, la plus faible longévité de la mite masculine a été enregistrée lorsque les larves ont été élevées sur un grain de riz (5,4 jours) et une coquille (4,8 jours) (Nasrin et *al.*, 2016). Une tendance similaire à la longévité féminine a également été enregistrée en raison de la différence qualitative de diverses céréales utilisées au cours de son développement. La plus grande longévité des mites femelles observée était de 7,2 jours lorsque les larves se sont développées sur le blé haché tandis que la plus basse longévité était de 4,7 jours sur la coquille (Ozpnar, 1997). La longévité de l'adulte est de 4 à 6 jours (Vayssiére et Mimeur, 1925).

La durée de vie la plus faible était, lorsque les larves se nourrissaient de blé haché, de 43,1 jours tandis que la plus élevée de 74,5 jours était obtenue sur la coquille. Il s'agissait de 45,9 jours lorsque les larves étaient cultivées sur des grains de blé, 51,4 jours sur le riz, 56,5 jours en coquille + riz haché, 67,7 jours sur le grain de maïs, 61,6 jours sur le maïs haché et 68,2 jours sur le grain de riz. La longévité des mites masculins et féminins chez les adultes et la durée de vie totale ont été influencées par la qualité de la nourriture. Une alimentation de meilleure qualité a augmenté la longévité des mites masculines et féminines, mais raccourcit la durée de vie totale de *C. cephalonica*, comme l'ont rapporté Devaraj et Mukherjee (1966) lorsqu'ils ont

élevé *C. cephalonica* sur l'arachide et le sésame. Ils ont constaté que l'arachide était supérieure à celle du sésame qualitativement. Durée de vie totale de 61,42 jours chez l'arachide tandis que 76,89 jours au sésame ont été enregistrés par eux.

I.2.4 Dégâts et importance

C. cephalonica est connu sous le nom de « mite de riz ». Il est distribué dans le monde entier et est un ravageur sérieux de riz décortiqué et non haché, d'autres céréales et de légumineuses. Il attaque également les gingelly, les gâteaux à l'huile, les fruits secs, le cacao, les chocolats, les biscuits, les graines de lin, la crème de blé, la farine, etc. dans de nombreux pays du monde (Perveen, 2012). Les larves endommagent les grains stockés en se nourrissant sous des nappes de soie (Alam, 1971). Lorsque l'infestation est élevée, tout le stock de grains peut être converti en une masse cellulaire et, finalement, une mauvaise odeur caractéristique se développe et les grains sont rendus impropres à la consommation humaine (Alam, 1965).

La larve se nymphose dans un cocon soyeux que l'on rencontre à l'intérieur des tas de graines ou sur les sacs. Les dégâts peuvent être importants (Mallamaire, 1965). Au Sénégal, l'insecte attaque surtout les céréales et entame des dégâts particulièrement importants sur riz en sac et sur maïs, dans les conditions de stockage central.

En outre, de nombreuses propriétés dommageables de *C. cephalonica* et de ses œufs constituent un moyen important pour l'élevage et l'élevage réussis de *Ttichogramma spp*. qui sont utilisés pour le programme de contrôle biologique de différents foreurs destructeurs dans de nombreux pays du monde (Chu et *al*., 1994 ; Mukhukrishnan et *al.*, 1996 ; Cadapan, 1998). En raison de l'indisponibilité de masses d'œufs de différents foreurs tout au long de l'année pour la production en série de *T. chilonis*, un nombre suffisant d'œufs de *C. cephalonica* est essentiel.

Toutes les activités de la vie dépendent du type et de la qualité de la matière alimentaire d'un individu. Andrewartha et Birch (1954) ont déclaré que la longévité et le potentiel reproducteur des insectes étaient influencés par les composants de l'environnement, y compris la température, l'humidité et les aliments. Une quantité considérable d'informations sur divers aspects de *Corcyra* sont disponibles.

L'élevage de ces mites est généralement effectué sur le blé ou le riz haché en laboratoire. Cependant, le coût de l'élevage de la pyrale du riz sur le blé ou le riz haché est considérablement élevé (Avasthy, 1962). En conséquence, les productions commerciales du parasitoïde, *Trichogramma spp*. et de leurs œufs deviennent aussi coûteux. Donc, il est très nécessaire de sélectionner un ou plusieurs produits alimentaires moins chers et rentables qui peuvent assurer

un développement correct de *C. cephalonica* et la production de son nombre important d'œufs pour l'élevage efficace du parasitoïde d'œuf, *Trichogramma spp*.

I.2.5 Stratégies de lutte contre les insectes ravageurs

I.2.5.1 Lutte chimique

La réaction immédiate du cultivateur est le recours aux traitements chimiques d'assurances, sans souci de leur intérêt à long terme (Sautier, 1989). Les produits chimiques de lutte contre les insectes peuvent se classer en deux grands groupes : les fumigants et les insecticides de contact (Seck, 1994).

- Les fumigants sont des substances qui, à une température et une pression donnée peuvent être produites sous forme de gaz et se comporter en tant que tel. Leurs gaz portent des propriétés particulières d'adsorption. Ils pénètrent dans le corps des insectes par les voies respiratoires.

- Pour les insecticides de contact, on distingue les produits de choc, les produits à moyenne durée et ceux à longue persistance d'action (Mahaut, 1990). En plus des méthodes chimiques de lutte contre les insectes, nous avons les méthodes physiques.

I.2.5.2 Lutte physique

Les méthodes physiques de lutte contre les insectes sont l'irradiation et l'atmosphère contrôlée.

- L'irradiation consiste, par divers procédés, de jouer sur la sensibilité des ravageurs aux radiations, aux températures extrêmes et à la concentration de l'atmosphère des infrastructures de stockage en gaz (oxygène, dioxyde de carbone) (Seck, 1994).

- L'atmosphère contrôlée consiste à réduire la teneur en oxygène et d'asphyxier les insectes. C'est une technique inapplicable en milieu villageois car elle nécessité beaucoup de connaissances et un équipement particulier.

I.2.5.3 Lutte biologique

- Lutte avec auxiliaires Certains auteurs ont envisagé l'utilisation de la lutte biologique contre les ravageurs des denrées stockées. *Bacillus thuringiensis* est utilisé dans la lutte contre *T. castaneum* (Malick et Riazuddim, 2007).

- Lutte sans auxiliaire La lutte sans auxiliaire est surtout pratiquée avec utilisation d'extraits de végétaux contre *Rhyzopertha dominica* et *T. castaneum*. *Muraya exotica* a été reconnu comme ayant une activité insecticide contre *T. castaneum* (Li et *al.,* 2010). L'huile de *Cardamom* (*Elletaria cardamomum*) empêchent le développement des larves de *T.*

castaneum jusqu'au stade adulte (Mondal et Khalequzzaman, 2009). L'utilisation de l'huile de *Azadirecta indica* contre *T. castaneum* entraine une mortalité de plus de 52,66% à une concentration et une durée d'exposition élevée dans la farine (Mondal et Khalequzzaman, 2009). Après une seule pulvérisation de dieldrine à différentes concentrations, les insectes meurent au cours d'une période d'environ 5 semaines, la plupart du temps dans les 3 premiers semaines (Tammes et *al*., 1970).

I.3 Approches génétiques

L'apparition des techniques de biologie moléculaire a rapidement contribué à des avancées majeures dans plusieurs domaines comme la génétique et la médecine. Son intégration s'est cependant fait attendre dans d'autres domaines comme l'écologie. Le lien entre une séquence génomique et l'interaction entre deux organismes apparait d'emblée fort éloigné. Aussi, l'utilisation de techniques moléculaires dans un domaine où l'observation directe est reine peut sembler superflue. Néanmoins, les avancées fulgurantes réalisées dans cette discipline ont permis d'intégrer la biologie moléculaire à l'écologie et de mettre en évidence de nouvelles avenues de recherche. Cet ajout aux approches classiques a dès lors modifié l'étude de plusieurs sujets comme la génétique évolutive, la génétique des populations, l'écologie comportementale, la biologie de conservation, l'identification des spécimens et le développement d'organismes génétiquement modifiés. Concrètement, l'approche moléculaire permet d'étudier certains phénomènes en milieu naturel sans avoir recours à des systèmes artificiels (études sur plats de Pétri, en chambre de croissance ou en cage d'exclusion). Par exemple, le suivi des descendants d'un couple donné au sein d'une population est maintenant possible grâce à une simple analyse génétique. Cette particularité fournit des opportunités nouvelles et complémentaires aux écologistes en leur permettant de formuler des hypothèses autrefois impossibles à tester avec les techniques traditionnelles. L'écologie moléculaire permet donc d'explorer un système déjà connu avec un tout nouveau niveau de résolution. En entomologie, les principales applications sont l'identification des espèces, l'identification des sexes, la phylogénie, l'écologie comportementale et l'écologie des populations et des communautés. Ces applications contribuent considérablement à l'augmentation des connaissances fondamentales en entomologie et à l'amélioration des programmes de biologique. Ainsi, initialement, les marqueurs protéiques, particulièrement les allozymes, constituent les principaux types de marqueurs utilisés en entomologie (Loxdale et den Hollander, 1989). Plus récemment, plusieurs de ceux-ci ont été surpassés par le développement de techniques moléculaires à base d'ADN (RFLP, minisatellites, microsatellites, amorces PCR). Tous ont leurs avantages et leurs

inconvénients selon le type d'étude menée et l'espèce étudiée. Le tableau 1 présente les principales techniques utilisées en biologie moléculaire en y décrivant le principe et les utilités de chacune (Gagnon, 2005).

Tableau 2. Description des principales techniques utilisées en écologie moléculaire

	Technique	Principe	Variabilité	Avantages (+) ; Inconvénients (-)	Domaines d'application
Protéines	Allozymes	Séparation des variantes protéiques selon leur mobilité face à un champ électrique	Interspécifique	(+) Peu cher, prend peu de temps (-) Méthode destructive, ne détecte pas les mutations silencieuses, méthodes de conservation plus complexes	Phylogénie, taxonomie, génétique des populations
ADN	RFLP *(restriction fragment lenght polymorphism)*	Utilisation d'enzymes de restriction	Intraspécifique	(+) Grande précision (-) Méthode destructive, utilisation d'étiquettes radioactives, cher et fastidieux	Génétique des population, analyses parentales, cartographie chromosomique
	Microsatellite *(empreinte d'ADN multilocus)*	Séquence simple (di-, tri- ou tétranucléotides) répétée plusieurs fois	Différenciation à l'individu	(+) Grande précision, méthodes de conservation moins complexes (-) Impossible d'associer une bande particulière à un locus spécifique	Etude des populations, écologie comportementale, diversité génétique
	Minisatellite *(empreinte d'ADN)*	Séquence-clé répétée plusieurs fois selon l'individu	Différenciation à l'individu	(+) Grande précision, méthodes de conservation moins complexes (-) Peu utile pour l'identification d'espèces	Etude des populations, analyses parentales
	Amorces PCR *(polymerase chain reaction)*	Deux amorces pour amplifier une région cible de l'ADN	Différenciation à l'individu	(+) Méthode non destructive, nécessite une faible quantité de matériel organique (-) Présence élevée de faux négatifs	ADN ancien, écologie des populations, écologie comportementale, phylogénie, taxonomie, etc.

Sources : Beebee et Rowe 2004 ; Hoy 2003 ; Loxdale et Lushai 1998 ; Sunnucks 2000.

I.3.1 Principaux marqueurs moléculaires

Un marqueur moléculaire est un locus polymorphe qui renseigne sur le génotype de l'individu qui le porte (Najimi et *al.,* 2003). Selon De Meeûs (2011), un marqueur génétique est simplement une portion de l'ADN (acide désoxyribonucléique) de l'organisme étudié, ou un sous-produit codé par cet ADN (comme une protéine). Un marqueur génétique « idéal » doit être : polymorphe, multiallélique, codominant (l'hétérozygote présente simultanément les caractères des deux parents homozygotes, il peut donc être distingué de chacun des homozygotes parentaux) et non épistatique (son génotype peut être « lu » à partir de son

phénotype quel que soit le génotype aux autres locus). Les marqueurs moléculaires sont nombreux et variés mais leur choix dépend de l'objectif précis fixé, des moyens et des compétences disponibles au laboratoire (Najimi et *al.*, 2003).

I.3.1.1 Marqueurs nucléaires dominants

Dans ces types de marqueurs, les individus hétérozygotes sont vus comme homozygotes pour un des deux allèles présents chez l'individu. Cet allèle est dominant par rapport à l'autre qui est récessif. Les marqueurs dominants les plus connus sont les RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA) (De Meeûs, 2011). L'application de cette méthode a permis de caractériser la variabilité génétique des populations ou des espèces d'insectes (Baumann et *al.*, 2003). L'atout majeur de ces marqueurs est la rapidité avec révélation d'un grand nombre. En revanche, ces marqueurs présentent des limites : d'une part, il est impossible de savoir à quoi correspondent les différentes portions d'ADN amplifiées par RAPD et par leur nature aléatoire, d'autre part, on ne peut savoir si ces loci sont dans les gènes ou non (De Meeûs, 2012)

I.3.1.2 Marqueurs nucléaires codominants

Contrairement aux marqueurs dominants, les génotypes hétérozygotes et homozygotes sont distinguables. Les alloenzymes, les RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphisms), les AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphisms), les microsatellites, les minisatellites, les MLST (Multi-Locus Sequence Typing) et SSCP (Single-Stranded Conformational Polymorphism) sont les plus connus. Les enzymes sont des protéines au rôle biologique important. L'électrophorèse consiste à séparer des protéines en fonction de leur charge électrique mais aussi, dans certaines conditions, en fonction de leur poids moléculaire et de leur conformation (Cariou, 1986). L'usage de l'électrophorèse sur gel d'amidon ou d'acrylamide, s'est répandu à la fin des années soixante et a été pour bon nombre de thématique de recherche la méthode d'analyse du polymorphisme génétique dans les populations et les espèces (Lewontin et Hubby, 1966). Les enzymes participent au système de défense des bactéries. Dans ce dernier, les enzymes de restriction de type II (points rouges) reconnaissent et coupent de courtes séquences de nucléotides des ADN des phages. Les méthylases protègent l'ADN bactérien en ajoutant des groupes méthyles (carrés bleus) (figure 7) sur l'ADN bactérien (Bonnet, 2007).

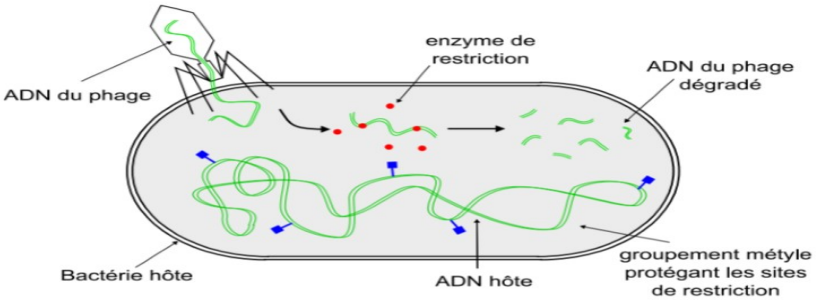


Figure 10. Système de défense des bactéries (Bonnet, 2007).

Les isoenzymes ou isozymes selon Markert et Moller (1969 in Tibayrenc, 1979) sont des enzymes de même fonction mais de structures différentes, ayant donc des vitesses de migration électrophorétiques différentes. L'utilité de l'électrophorèse des isoenzymes en systématique a été signalé par Avise (1974). Il est possible mais souvent difficile de détecter la variation géographique intraspécifique des populations par les isoenzymes (Tibayrenc, 1979). L'utilisation des isoenzymes chez *Triatoma infestans* (Klug) montre une variabilité génétique faible avec trois loci variables sur dix-neuf (19) par rapport aux arthropodes ayant un taux de polymorphisme de 15,7% et l'hétérozygotie moyenne de 0,04 (Dujardin et Tibayrenc, 1985). Les allozymes ont été utilisés chez *Polistes satan* (Hymenoptera, Vespidae) pour évaluer la parenté génétique entre génération (Gaspar et *al.*, 2007). En effet, le degré de polymorphisme des alloenzymes tend à être sous-estimé car l'électrophorèse ne permet pas de révéler toutes les substitutions d'acides aminés ou de détecter les allèles nuls. Les marqueurs microsatellites nucléaires (ou encore Simple Sequence Repeat ; SSR) sont très souvent utilisés pour étudier la structure génétique spatiale à une échelle géographique locale (Marquardt et Epperson, 2004). Les mononucléotides sont rarement utilisés puisqu'ils sont instables et les tétranucléotides (et au-delà) sont devenus plus rares (De Meeûs, 2011). Ils sont constitués d'un ou de quelques nucléotides répétés un petit nombre de fois alors que les minisatellites sont constitués de séquences dont le motif de répétition est plus grand (Raymond, 1996 ; De Meeûs, 2011). Ils portent divers noms tels que les SSR, STR, short tandem repeats, VNTR, maladies à triplets... La popularité des marqueurs d'ADN microsatellites entre biologistes moléculaires n'est pas surprenant compte tenu de la particularité et de la fiabilité apparente de ces marqueurs (Zhang et Hewitt, 2003). Les Microsatellites, ou des répétitions de séquences simples (SSR), sont les marqueurs moléculaires les plus largement appliquées dans de nombreux domaines de la génétique tels que la génétique de la conservation, la génétique des populations et les tests de paternité (Oliveira et *al.*, 2006). Les deux principaux mécanismes proposés généralement pour expliquer les expansions et contractions des microsatellites SSR sont : (i) la recombinaison

inégale pendant la méiose entre chromosomes homologues ou entre chromatides sœurs (figure 8 (a) et (ii) les erreurs au cours de la réplication (figure 8 (b) (Achaz, 2002).

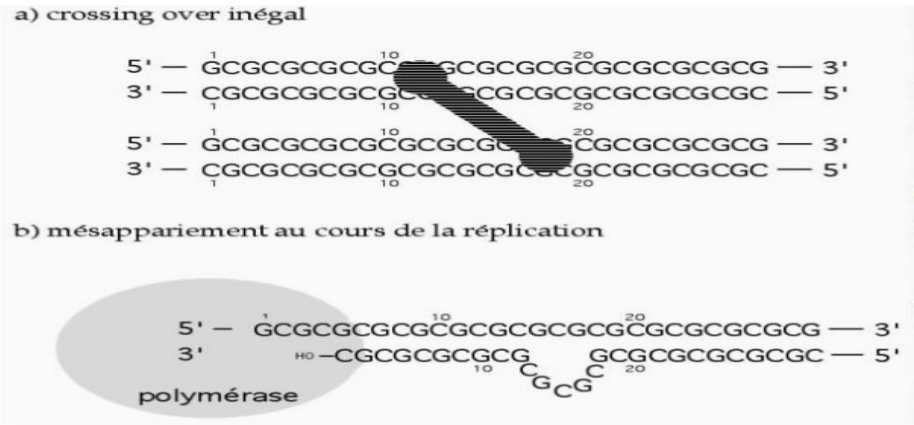


Figure 11. Mécanismes proposés pour les instabilités des microsatellites (Achaz, 2002).

Il existe de forte variabilité du nombre de répétition à un locus donné qui correspond généralement à un taux de mutation relativement élevé dû à des erreurs de réplication ou à des crossing-over inégaux (Raymond, 1996). Ils constituent donc un outil important pour analyser d'une façon très fine la diversité intraspécifique dans et entre les populations (Tautz, 1989). Les microsatellites sont en général très polymorphes, codominants, abondants dans presque tous les génomes et relativement aisés à manipuler (Lehman et *al.*, 1996). Dans de nombreuses études, l'utilisation des microsatellites a permis de mettre en évidence des expansions ou des goulots d'étranglement récents dans diverses populations animales (Estoup et *al.,* 2001). Les marqueurs microsatellites sont des outils de choix, sinon les meilleurs, pour les études de génétique des populations (De Meeûs, 2012).

I.3.2 Marqueurs moléculaires utilisés en phylogénie

On peut distinguer deux types de génomes en fonction de leurs localisations dans les cellules eucaryotes animales : le génome nucléaire (ADNn) et le génome mitochondrial (ADNmt).

I.3.2.1 Les séquences mitochondriales

L'ADN mitochondrial (ADNmt) a été utilisé pour étudier l'écologie moléculaire et la phytogéographie depuis 25 ans (Ballard et Whitlock, 2004). Chez les animaux supérieurs, l'ADNmt est une petite molécule circulaire environ 16-20 kb de long (Avise et *al.,* 1987). La présence, dans plusieurs ADNmt, de petits fragments non codants avec des fonctions qui peuvent être aussi régulatrices a été décrit (Boore, 1999). L'ADN mitochondrial a une place importante dans les analyses phylogéniques car il répond, en grande partie, aux caractéristiques du « système idéal » (Avise et *al.,* 1987). Cet ADN s'est montré extrêmement informatif dans

les études phylogéographiques, car il ne subit pas de recombinaison et a un taux de mutation rapide (Avise et *al.,* 2000). Son taux de mutation inférieur à 1% par million d'années : il permet de travailler à une échelle de milliers de générations. Il a des caractéristiques spécifiques qui diffèrent de l'ADN nucléaire. Il est court et compact de 16 569 paires de base. Il existe de 2 à 10 copies de cette molécule dans chaque mitochondrie, ce qui entraîne la présence de plusieurs milliers de génomes mitochondriaux par cellule (Doutremepuich, 1998). Son taux de mutation est cinq à dix fois plus important que celui de l'ADN nucléaire (Hewitt, 2001). La détection de L'ADNmt est plus facile car il est présent en de nombreuses copies dans la cellule. Le génome mitochondrial est révélé polymorphe et discriminant chez les insectes dans des études antérieures (Sembène, 2000). Il présente plusieurs particularités : transmission uniparentale et maternelle, évolution moléculaire rapide, absence de recombinaison (Avise, 2000). Les mutations dans le génome mitochondrial sont supérieures à celles des séquences nucléaires. Selon Boursot et Bonhomme (1986), la possibilité d'utiliser le génome mitochondrial comme marqueur génétique suppose que les différentes copies d'ADNmt contenues dans un individu présentent une certaine homologie de séquence (hétéroplasmie faible par rapport à l'hétérogénéité interindividuelle). Les marqueurs mitochondriaux présentent l'avantage d'exister au sein d'un même individu sous forme haplotypique ce qui facilite leur séquençage direct. C'est une molécule haploïde et son hérédité est maternelle. Il se présente dans la cellule en copies multiples (Boursot et Bonhomme, 1986), ce qui est un avantage si l'on travaille avec du matériel dégradé. Plusieurs facteurs contribuent sans doute au taux d'évolution rapide de l'ADNmt (Avise, 2009) :

- des mécanismes relativement inefficaces de réparation de l'ADN des mitochondries ;
- la richesse en oxygène dans la mitochondrie, environnement auquel les molécules d'ADN sont exposées ;
- des contraintes fonctionnelles ;
- au fait également que l'ADNmt est nu (c'est à dire qu'il n'est pas associé à des protéines histones qui peuvent limiter le taux d'évolution de l'ADN nucléaire).

L'inconvénient majeur du marqueur d'ADN mitochondrial est sa transmission monoparentale, ce qui entraine une information limitée lorsque la dispersion est liée au sexe (Ballard et Whitlock, 2004). L'origine de réplication de l'ADNmt se trouve dans une région non codante la boucle D (Displacement Loop) qui est constituée de deux zones hypervariables de 1200pb : HV1 et HV2 (Doutremepuich, 1998).

L'étude d'espèces strictement apparentées nécessite une utilisation de gènes nucléaires pour en fait diminuer la divergence entre la phylogénie des gènes et la phylogénie des espèces. Pour des études de génétique des populations, les propriétés des marqueurs mitochondriaux sont loin d'être idéales (De Meeûs, 2012).

I.3.2.2 Les séquences nucléaires

La constatation que les données des gènes mitochondriaux peuvent représenter seulement un volet, parfois, partiellement biaisé (par les contraintes évolutives ou par les méthodes des reconstructions phylogénétiques) a conduit les systématiciens moléculaires à s'orienter vers des marqueurs nucléaires pour compléter les données mitochondriales. L'ADN nucléaire est transmis par les deux parents via un brassage de deux jeux de chromosomes. Quelques gènes nucléaires sont utilisés actuellement en systématique moléculaire. Les séquences des différents gènes nucléaires les plus fréquemment utilisés chez les arthropodes sont : l'ARN ribosomique 28S, l'ARN ribosomique 18S, le facteur d'élongation (EF1-α), le gène wingless (Wg). Dans certaines études isolées, quelques autres gènes nucléaires ont été étudiés : le gène de phosphoenolpyruvate carboxykinase (PepCK), le gène de dopa décarboxylase (DDC), le gène de tektin (tektin), le gène de l'histone H3 (H3) (Mallatt et *al.,* 2004). Les espaceurs ITS1 et ITS2 sont des régions intergéniques utilisés en phylogénie et sont assez discrimants. On rencontre dans l'ADN nucléaire des régions non codantes telles que les introns, les pseudogènes, les ADN intergéniques ou intragéniques etc. Dans l'ADN intergénique ou parfois dans les introns, il existe des séquences répétées et dispersées dans le génome en plusieurs copies sans fonction apparente.

I.3.3 Séquençage de nouvelle génération (NGS)

Le séquençage de nouvelle génération (NGS) est un outil utile pour déterminer la séquence d'ADN, information qui est essentielle pour approfondir notre compréhension des processus biologiques. Il existe trois formes principales d'outils pour la technologie NGS. Les plus populaires sont 454 / Roche, Illumina et SOLiD / Life Technology (ABI) (Wilantho et *al.*, 2012). Contrairement à certains outils, NGS est flexible et il peut être appliqué dans différentes situations, allant de l'exome aux petits ARN. Cette souplesse signifie qu'il y a des paramètres qui doivent être pris en considération avant d'exécuter une expérience NGS. Cette section exposera certaines de ces considérations importantes.

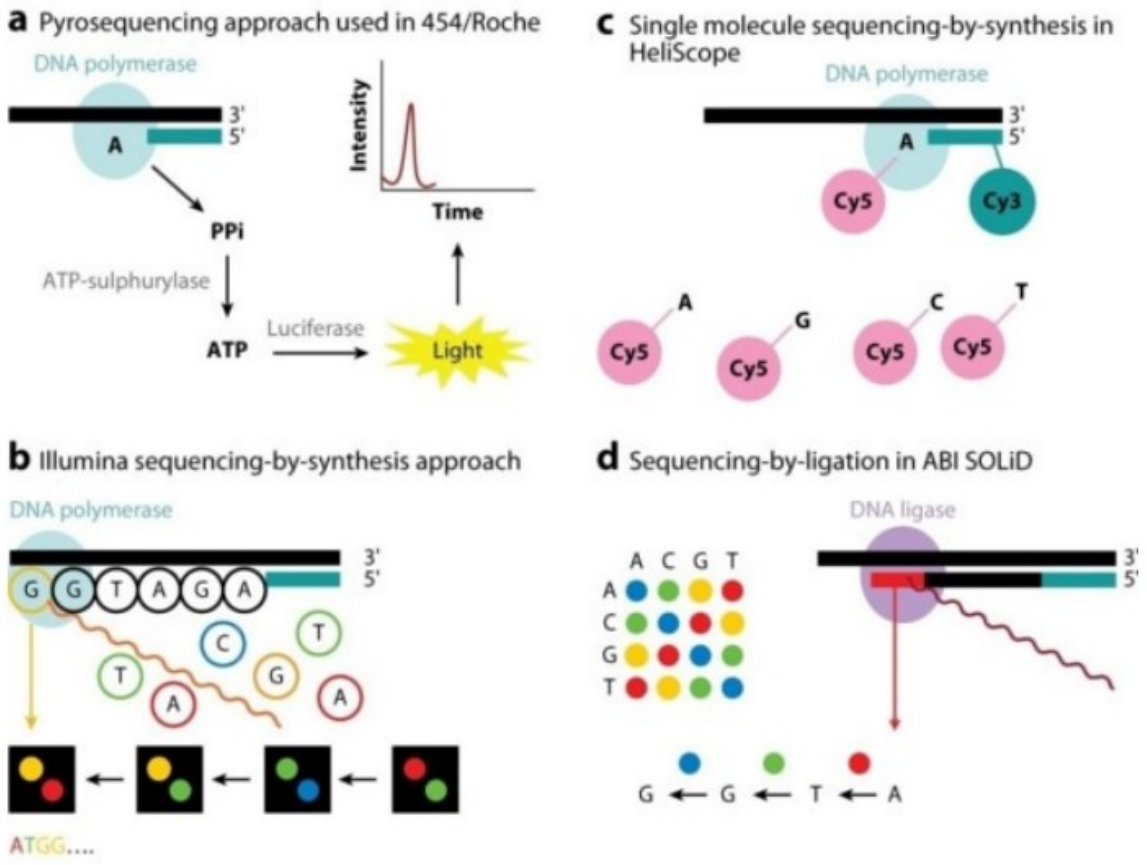


Figure 12. Chimie de séquençage mise en œuvre dans les séquençages de nouvelle génération (Image reproduite avec l'autorisation de Morozova et *al.*, 2009).

(a) Méthode de pyroséquençage mise en œuvre dans 454 / Roche ; (b) séquençage par synthèse en présence de quatre analogues nucléotidiques marqués par fluorescence qui servent de terminateurs de réaction réversibles et ADN polymérases spéciales dans l'Illumina réaction de séquençage ; (c) molécule unique Helicos le séquençage utilise le séquençage par synthèse méthodologie. Les modèles d'ADN sont marqués au Cy3 lié à des amorces immobilisées à la surface de la Flow Cell. Les nucléotides marqués au Cy5 sont ajouté à la réaction un par un, et la détection des nucléotides incorporés est atteint et (d) séquençage par approche de ligature implémenté dans la méthode SOLiD. Deux bases encodage implémenté dans le système et les données finales sont rapportées comme des appels de base standard.

I.3.3.1 Couverture et quelle couverture doit être utilisée

Les plates-formes NGS actuelles disponibles sur le marché, bien que très précises, sont toujours sujettes à l'erreur. Même à des accuracies de 99% et plus, une séquence générée peut contenir des nucléotides incorrects. Cela signifie que si la précision d'une machine est de 99%, une paire de base est mal lue sur 100 paires de base ; étant donné que les plates-formes NGS génèrent des quantités élevées de sortie, ces erreurs peuvent s'additionner rapidement. La façon de

contourner les limitations de la plate-forme NGS est de séquencer les nucléotides plusieurs fois. Le nombre de fois qu'un nucléotide est séquencé est appelé « couverture », ou « profondeur » (Sims et *al.,* 2014). La couverture peut également être utilisée pour désigner le pourcentage de bases cibles qui ont été séquencées un nombre spécifique de fois (Sims et *al.,* 2014).

La couverture varie selon le type de NGS et l'application de recherche. Une plus grande couverture a tendance à être utilisée lorsqu'on recherche une variante moins courante (<1%) dans un échantillon. Un exemple est la détection de mutations cancéreuses dans l'ADN tumoral circulant dans le plasma des patients atteints de cancer (Forshew et *al.,* 2012). Toutefois, la couverture appropriée pour une expérience est déterminée au cas par cas. La couverture varie également selon le type de NGS (c.-à-d. séquençage du génome entier). Par exemple, le séquençage du génome entier nécessite généralement une couverture d'environ 30 x, car cela permettra de détecter 98 % des variantes de nucléotides hétérozygotes identifiées dans un microarray. Il existe un moyen de calculer la couverture, comme le montre l'équation de Lander-Waterman ci-dessous (Sims et *al.,* 2014).

$$\mathbf{C = LN/G}$$

L'équation se compose des variables suivantes : **C** = couverture, **G** = longueur du génome haploïde (en nucléotides), **L** = longueur de lecture (en nucléotides) et **N** = nombre de lectures.

Pour obtenir des lignes directrices générales sur la couverture, veuillez consulter le tableau 3.

Tableau 3. Couverture et lecture des recommandations par application

NGS Type	Application	Couverture recommandée (x) ou lectures (en millions)	Références
Séquençage du génome entier	Homozygote Single Nucleotide Variants (SNVs) – changements nucléotides simples dans les gènes où les allèles sont identiques.	15x	Bentley *et coll.*,2008
	Heterozygous SNVs – changements de nucléotides uniques dans les gènes où les allèles sont différents les uns des autres.	33x	Bentley *et coll.*,2008
	Mutations d'insertion/suppression (INDELS) – mutations dans le génome où les nucléotides sont insérés ou enlevés.	60x	Feng *et coll.*,2014
	Appel de génotype - détermination du génotype d'un individu.	35x	Ajay *et coll.*,2011
	Variation du nombre de copies (CNV) – variance du nombre de copies d'un gène entre individus	1-8x	Xie *et coll.*,2009; Medvedev *et coll.*,2010
Séquençage exome entier	Homozygous SNVs	100x (couverture 3x lecture locale)	Clark *et coll.*,2011; Meynert *et coll.*,2013
	Heterozygous SNVs	100x (13x local read coverage)	Clark *et coll.*,2011; Meynert *et coll.*,2013
	INDELs	Non recommandé	Feng *et coll.*,2014
Séquençage de l'ARN - Séquençage du transcriptome	Profilage d'expression différentielle – mesure quantitative de l'expression génique à travers plusieurs gènes pour examiner différents niveaux d'expression dans l'échantillon.	10 à 25 millions	Liu *et coll.*,2014; ENCODE 2011 ARN-Seq
	Épissage alternatif – identification de différentes variantes d'épissage à partir de transcriptions d'ARNm.	50-100 million	Liu *et coll.*,2014; ENCODE 2011 ARN-Seq
	Expression spécifique d'allèle – expression de transcription qui est affectée par un allèle spécifique de gène.	50-100 million	Liu *et coll.*,2014; ENCODE 2011 ARN-Seq
	De novo assembly – construction d'un transcriptome sans utilisation d'une séquence de référence.	>100 millions	Liu *et coll.*,2014; ENCODE 2011 ARN-Seq
Séquençage de l'ARN - Séquençage de l'ARN léger (microARN)	Expression différentielle – mesure quantitative de l'expression de l'ARN faible pour examiner différents niveaux d'expression dans l'échantillon.	~1-2 millions	Metpally *et coll.*,2013; Campbell et coll., 2015
	Découverte de nouveaux petits ARN.	~5-8 million	Campbell et coll., 2015
Séquençage de méthylation de l'ADN	Séquençage de la bisulfite (Bisulfite-Seq) – séquençage qui se fait en traitant l'ADN génomique avec de la bisulfite pour convertir les cytosines non méthylées en uracil.	5-15x par brin ou par réplique; Méthylome total de 30x	Ziller *et coll.*,2015; Feuille de route epigenomics

I.3.3.2 Préparation de la bibliothèque

Avant qu'un échantillon puisse être séquencé, il doit être préparé dans une bibliothèque d'échantillons à partir de l'ADN génomique ou de l'ARN total. Une bibliothèque est une collection de fragments d'ADN de taille aléatoire qui représentent l'entrée de l'échantillon. Toutefois, selon le type d'applications NGS, différentes étapes de préparation de la bibliothèque sont prises. Il existe quatre types d'applications NGS qui sont considérées ci-dessous : séquençage du génome entier (WGS), séquençage exome (Exome-Seq), séquençage de l'ARN (ARN-Seq) et séquençage de méthylation (Méthyl-Seq). Nous nous concentrerons sur les protocoles utilisés dans les plates-formes Illumina NGS car il utilise la méthode de séquençage la plus efficace, le séquençage par synthèse, et génère la plus forte sortie de toutes les plates-formes actuellement sur le marché.

I.3.3.3 Préparation de la bibliothèque pour le séquençage du génome entier (WGS)

Le séquençage du génome entier, ou WGS, fait référence au séquençage de l'ensemble du génome d'un organisme. La préparation de la bibliothèque d'échantillons pour WGS dépend de deux considérations : la taille du génome de l'organisme à partir duquel l'échantillon a été dérivé, et la quantité d'échantillon disponible pour être séquencé. Sur la base de ces deux considérations, la méthode de préparation de la bibliothèque d'échantillons peut être spécifiée.

- Illumina TruSeq PCR-free Library Preparation Kit – Tout génome de taille avec de grandes entrées d'échantillon

- Le kit de préparation de bibliothèque sans PCR Illumina TruSeq est idéal s'il y a 1 à 2 µg d'ADN génomique disponible, quelle que soit la taille du génome. Le but de ce kit particulier est d'éviter les erreurs d'amplification PCR associées à la polymérase de l'ADN travaillant sur de longues distances. L'ADN génomique est isolé de l'échantillon et fragmenté physiquement ou chimiquement, laissant des surplombs d'extrémité aléatoires de 5' et 3'. Les fragments d'ADN qui en résultent sont ensuite purifiés pour la taille désirée de 350pb ou 550pb, en utilisant des perles magnétiques qui se lient à ces tailles de fragment. La sélection de la taille se produit en incuber des rapports spécifiques de perles magnétiques avec de l'ADN fragmenté ; un rapport plus élevé de perle magnétique à l'ADN se traduit par une plus grande gamme de taille de l'ADN purifié. Par la suite, les surplombs de fin créés à partir de la fragmentation sont réparés en extrémités émoussées. Ceci est réalisé en utilisant une combinaison d'une exonucléase de 3' à 5' et d'une polymérase de 5' à 3'. L'exonculéase enlève le surplomb de 3', tandis que la polymérase remplit le surplomb de 5'. Les extrémités de 3' des fragments sont en outre adénylées ; ce surplomb de base unique s'hybride avec le

surplomb de 3' de thymine des adaptateurs qui sont ensuite ligatés ensemble. Cette étape de ligature est essentielle pour la réaction de séquençage plus tard, car les adaptateurs permettront à l'ADN de s'hybrider à la surface de la puce de réaction de séquençage. La collection de fragments ligatés par adaptateur forme une bibliothèque qui peut être séquencée. Avant que la bibliothèque puisse être séquencée, elle doit être validée quantitativement et qualitativement. La bibliothèque est validée quantitativement avec qPCR. Il y a deux raisons à cela :

– les amorces utilisées dans le qPCR sont contenues dans les séquences d'adaptateur et ne permettront que l'amplification des fragments ligatés par l'adaptateur ;

– la bibliothèque est trop petite pour être quantifiée fluromètriquement car il n'y avait pas d'amplification PCR. La bibliothèque est en outre validée qualitativement avec le Bioanalyzer Agilent Technologies 2100, avant la mise en commun facultative avec d'autres bibliothèques. Pour plus de détails, veuillez consulter la figure 13 présentée ci-dessous.

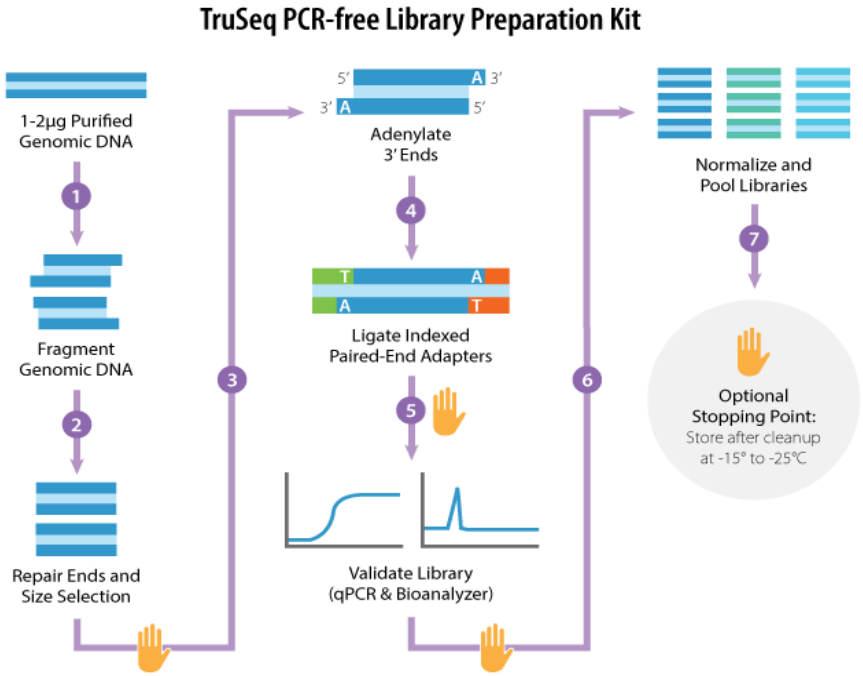


Figure 13. Diagramme de flux général pour le protocole du kit de préparation de la bibliothèque sans PCR Illumina TruSeq (adapté du protocole du kit de préparation de la bibliothèque sans PCR truseq).

– Illumina TruSeq Nano DNA Library Prep Kit - Tout génome de taille avec petite entrée d'échantillon :

– Le kit de préparation de la bibliothèque d'ADN de la Nano TruSeq est idéal s'il y a 100 à 200 ng d'ADN génomique disponible. Le protocole est presque identique au protocole du

kit de préparation de la bibliothèque sans PCR TruSeq, sauf pour l'amplification PCR et la validation de la bibliothèque. L'amplification se produit entre les étapes de ligature de l'adaptateur et de validation de la bibliothèque (voir la figure 14**).** Le but de l'amplification PCR est d'enrichir pour les fragments d'ADN d'adaptateur ligaté et d'augmenter la concentration de la bibliothèque pour le séquençage. La quantification des bibliothèques et l'analyse qualitative sont presque les mêmes que pour le kit de préparation de la bibliothèque sans PCR truseq. Cependant, la forte concentration de bibliothèque et, plus important encore, l'amplification sélective des fragments ligatés avec des adaptateurs correctement orientés permettent de quantifier à faire fluorométriquement.

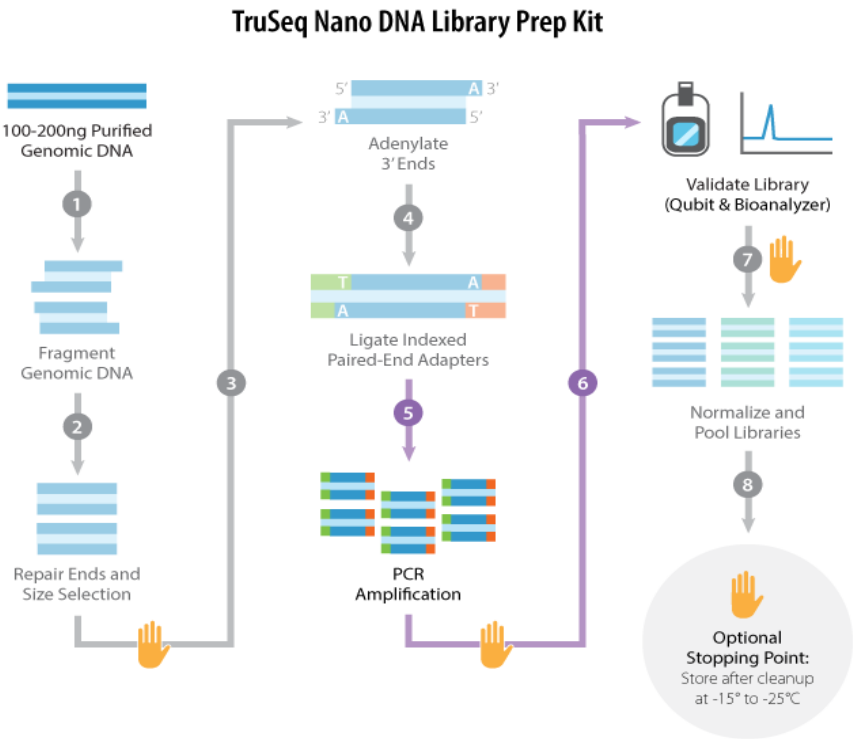


Figure 14. Diagramme de flux général pour le protocole du kit de préparation de la bibliothèque d'ADN Nano d'Illumina TruSeq (adapté du protocole du kit de préparation de la bibliothèque d'ADN de TruSeq Nano).

– Illumina Nextera DNA Library Prep Kit - Grande taille du génome avec petite entrée d'échantillon :

– Le kit de préparation de la bibliothèque d'ADN nextera est idéal pour les grands génomes complexes (ex. génome humain) et fournit un temps de préparation d'échantillons plus court par rapport aux kits de préparation de la bibliothèque TruSeq sans PCR et nanothèque. Le protocole est assez similaire à celui du Kit de préparation de la bibliothèque d'ADN TruSeq Nano, bien qu'avec quelques différences. Contrairement aux kits TruSeq, la fragmentation

et la ligature des adaptateurs de l'ADN génomique, ou « tagmentation », se produisent dans la première étape. Ceci se fait avec une enzyme appelée transposome. Le transposome est un complexe transposase-transposon ; cela signifie que l'enzyme est capable de faire des coupures dans l'ADN comme une transposase, mais aussi insérer une partie de lui-même dans la séquence d'ADN comme un transposon. Le transposome Nextera est unique car la partie transposon du complexe se compose de séquences d'adaptateurs. Pendant la tagmentation, le transposome Nextera fend simultanément la molécule d'ADN et insère les séquences d'adaptateur. Il y a une étape de nettoyage ultérieure pour enlever tout transposome restant lié à l'ADN d'interférer avec les étapes ultérieures. Étant donné que la fragmentation et le marquage de l'ADN se sont produits en même temps, il n'est pas nécessaire de réparer les fins des fragments d'ADN ou de préparer la ligature de l'adaptateur. La quantification de la bibliothèque se fait uniquement fluorométriquement avec Qubit. Pour plus de détails, veuillez consulter la figure 15 présentée ci-dessous.

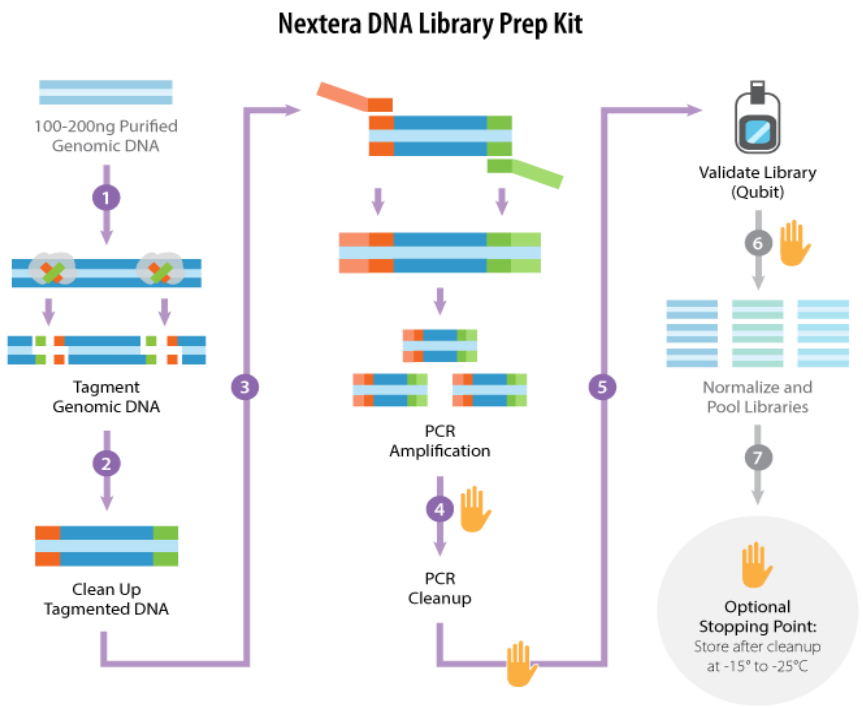


Figure 15. Diagramme de débit général pour le kit de préparation de la bibliothèque d'ADN Illumina Nextera (adapté du protocole de la trousse de préparation de la bibliothèque d'ADN de Nextera).

– Illumina Nextera ADN XT Library Prep Kit - Petite taille du génome avec petite entrée d'échantillon :

– Le kit de préparation de la bibliothèque Nextera DNA XT est idéal pour les petits génomes (ex. bactéries) ainsi que les plasmides et les amplicons. Le protocole est très

similaire au kit de préparation de la bibliothèque Nextera. Cependant, il y a quelques exceptions : il n'y a ni nettoyage post-tagmentation ni quantification de bibliothèque.

I.3.3.4 Préparation de la bibliothèque pour le séquençage exome

Exome Séquençage, ou Exome-Seq, est le séquençage de la partie codante du génome. Actuellement, il s'agit d'une alternative plus abordable à WGS que seulement environ 2% du génome entier est séquencé. Exome-Seq peut être effectué de deux façons : Séquençage des exons ou séquençage de tous les exons, introns (régions codantes non protéiques) et régions réglementaires telles que les séquences de 5' et 3' non traduits (5' et 3'-UTR) et de microARN (miRNA).

– Illumina Nextera Rapid Capture Exome Kit :

Le Nextera Rapid Capture Exome Kit est idéal si seulement les exons doivent être analysés. Comme le protocole Nextera Library Prep Kit pour WGS, la tagmentation de l'ADN génomique se produit dans la première étape. Ceci est suivi d'une étape de nettoyage où le transposome est supprimé. Le retrait est nécessaire pour prévenir les interférences transposome dans les étapes ultérieures. Les fragments ligatés d'adaptateur sont amplifiés avec PCR pour enrichir l'ADN ligaté par adaptateur et augmenter la concentration de la bibliothèque. En outre, les amorces nécessaires au séquençage et à l'indexation sont ajoutées dans la première des trois étapes d'enrichissement du PCR. Une fois l'amplification terminée, la bibliothèque est purifiée à partir de fragments non amplifiés avec des perles magnétiques. La bibliothèque est également quantifiée fluorométriquement pour déterminer s'il y a suffisamment de produit. Ensuite, les fragments exome-amplifiés sont isolés. Ceci est réalisé en hybridant les fragments exome-amplifiés aux sondes oligonucléotides biotinylées qui sont complémentaires à l'exome, suivies de « capture » par liaison non covalente des séquences biotinylées avec des perles de streptavidine. Au cours de ces étapes, l'ADN non spécifiquement lié est enlevé avec des lavages. Le processus d'hybridation et de capture est répété une deuxième fois. Une fois cela terminé, la bibliothèque d'ADN est enrichie deux fois. La bibliothèque est ensuite purifiée avec des perles magnétiques pour avoir un échantillon pur pour un dernier cycle d'enrichissement avant le séquençage. L'enrichissement PCR est effectué une troisième fois, puis la bibliothèque est purifiée. Enfin, la bibliothèque est validée quantitativement et qualitativement. La quantification se fait à l'aide de qPCR ou de Qubit ; l'analyse qualitative est effectuée avec le Bioanalyzer Agilent Technologies 2100. Pour plus de détails, veuillez consulter la figure 16 présentée ci-dessous.

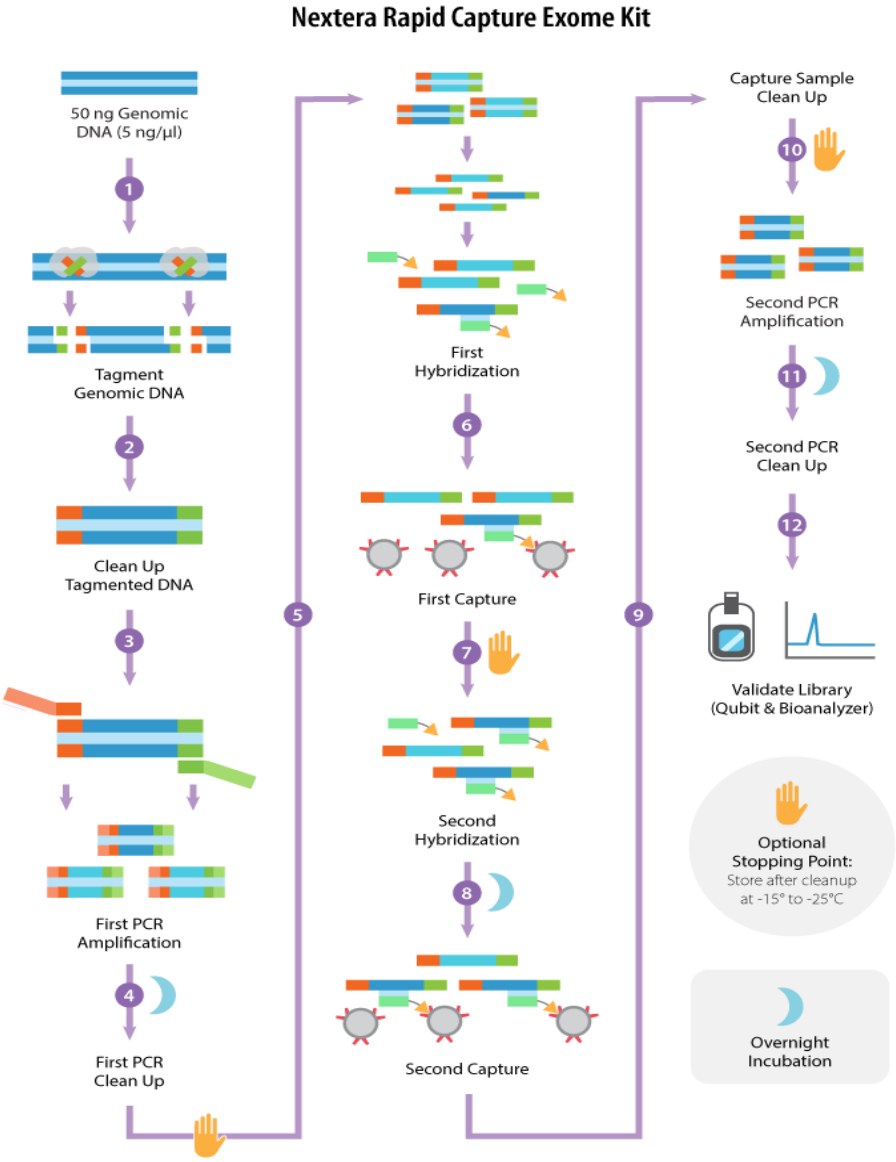


Figure 16. Diagramme de flux général pour le protocole Illumina Nextera Rapid Capture Exome Kit (adapté du protocole Nextera Rapaid Capture Kit).

– Illumina Nextera Rapid Capture Expanded Exome Kit :

Le kit Exome élargi Nextera Rapid Capture est idéal si une analyse plus complète de l'exome, y compris les utrs et les régions de liaison miRNA, est souhaitée. Le protocole est presque identique au Kit Nextera Rapid Capture Exome, à l'exception de l'ajout de sondes spécifiques et de perles connexes qui lient et capturent les régions de codage non protéiques. Des informations supplémentaires sur le protocole peuvent être trouvées dans la section Nextera Rapid Capture Exome Kit.

I.3.3.5 Préparation de la bibliothèque pour l'ARN-Seq

Le séquençage de l'ARN, ou ARN-Seq, consiste à séquencer les transcriptions de l'ARN présentes dans l'échantillon d'un organisme. Cela comprend l'ensemble de la collection de transcriptions présentes, y compris l'ARNm, ou les petits ARN. ARN-Seq est divisé en trois catégories en fonction de l'ARN choisi pour être séquencé : ARN-Seq total, ARN-Seq, et petit ARN-Seq. Chacune de ces catégories dispose d'un protocole de préparation de bibliothèque d'échantillons unique.

- Illumina Truseq Stranded Total ARN Kit

Le kit d'ARN total échoué TruSeq est idéal si une vue complète des transcriptions d'un échantillon est souhaitée. L'ARN ribosomal (ARN) n'est pas un composant souhaité de la bibliothèque d'échantillons d'ARN total, il doit donc être épuisé. L'épuisement de l'ARNr se fait en les liant à des perles magnétiques avec des séquences complémentaires à l'ARN. Après l'hybridation, les perles magnétiques sont retirées de la solution avec un aimant fort et le supernatant est utilisé dans d'autres étapes de préparation. L'ARN restant est nettoyé, fragmenté et amorcé en une seule étape pour la synthèse de l'ADC. À l'aide d'amorces aléatoires, le premier brin d'ADD est ensuite synthétisé. Au cours de cette étape, l'Actinomycine composée est ajoutée ; ceci est fait pour empêcher la synthèse de deuxième brin tandis que le premier brin est fait. Le modèle d'ARN est ensuite dégradé pour s'assurer que seul le deuxième brin d'ADD sera produit lors de la prochaine étape de synthèse. Ensuite, le deuxième brin d'ADN est synthétisé, bien que les nucléotides DUTP soient utilisés au lieu des nucléotides DTTP. Le but de l'utilisation des DUTP est de différencier les deux brins d'ADN une fois que le deuxième brin d'ADC a été synthétisé. L'ADN à double brin qui en résulte est préparé pour la ligature de l'adaptateur par l'adénylation de l'extrémité de 3'; cela rend l'ADC capable d'hybrider avec la thymine sur l'extrémité 3' des adaptateurs. Une fois l'adénylation terminée, les adaptateurs sont ligatés sur les 3'ends de l'ADNC et les DUTP sont supprimés. Les fragments d'ADC ligatés par adaptateur qui manquent maintenant de DUTP sont ensuite enrichis par amplification PCR. La bibliothèque qui en résulte est validée quantitativement avec qPCR et qualitativement avec le Bioanalyzer Agilent Technologies 2100 avant la normalisation. Si nécessaire, la bibliothèque peut être mise en commun avec d'autres pour le multiplexage. Pour plus de détails, veuillez consulter la figure 17 présentée ci-dessous.

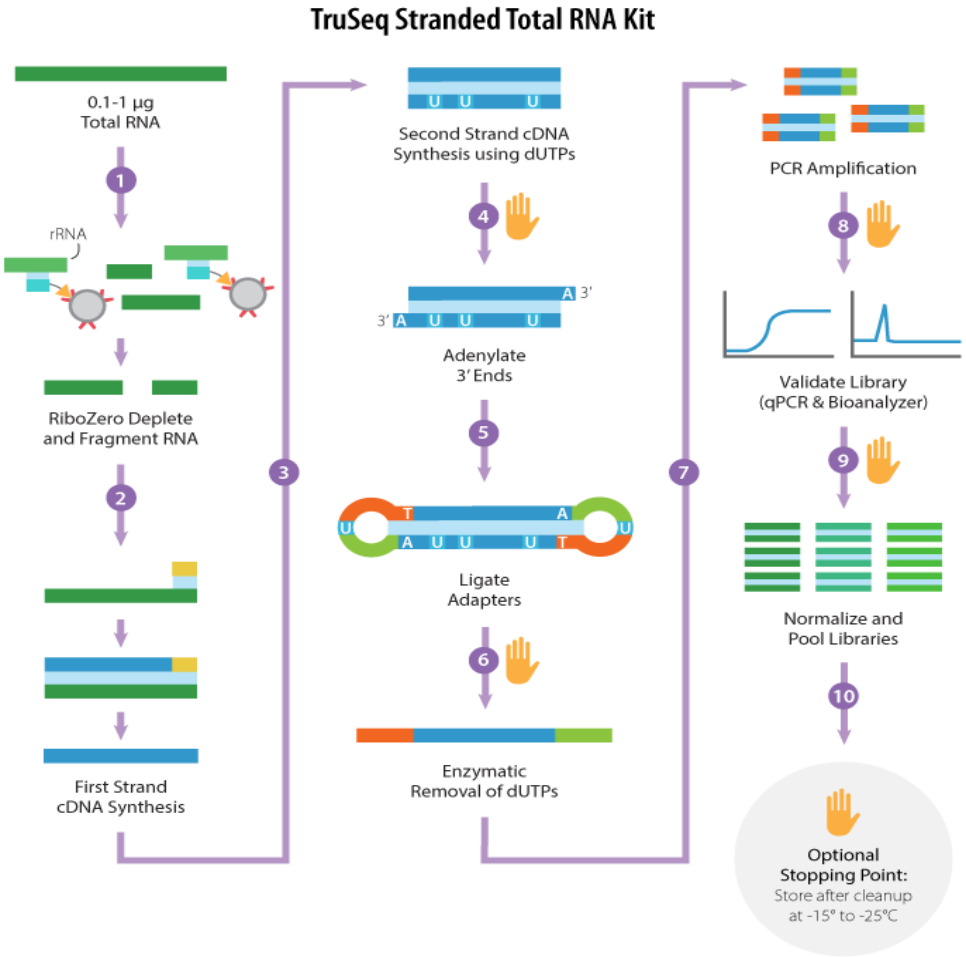


Figure 17. Diagramme de débit général pour le protocole du kit d'ARN total échoué Illumina TruSeq (adapté du protocole TruSeq Stranded Total ARN Kit).

– Illumina TruSeq Stranded mRNA Kit :

Le kit d'ARNm TruSeq Stranded est idéal si le profil d'expression génique d'un échantillon est souhaité. Le protocole est identique au kit d'ARN total échoué TruSeq, à l'exception de l'enrichissement de l'ARNm au lieu de l'épuisement de l'ARNr dans la première étape. Pour plus de détails, veuillez consulter la figure 18 présentée ci-dessous.

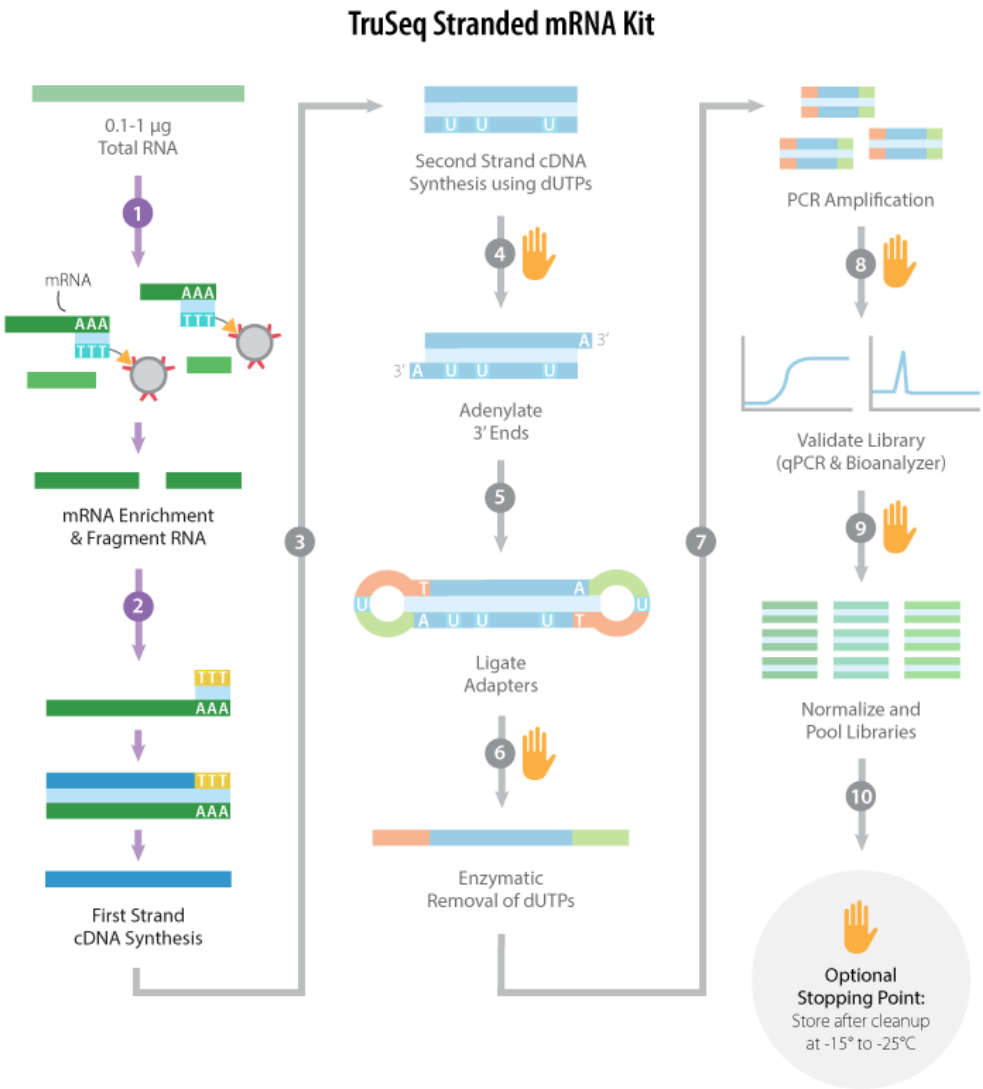


Figure 18. Diagramme de débit général pour le protocole du kit d'ARNm échoué Illumina TruSeq (adapté du protocole de kit d'ARNm truseq stranded).

– Illumina Truseq Petit kit d'ARN :

Le kit TruSeq Small ARN est idéal si l'on veut analyser de petits ARN non codants (ex. miRNA). Le protocole pour ce kit est très différent des kits TruSeq Stranded Total ARN et TruSeq Stranded mRNA. Contrairement aux autres kits de préparation de la bibliothèque d'ARN, la première étape consiste en la ligature séquentielle de l'adaptateur émoussé (adaptateur de 3' puis adaptateur de 5') pour un ARN total. Ce protocole n'implique pas non plus l'épuisement ou l'enrichissement de l'ARN. Les ARN ligatés par adaptateur sont alors soumis à RT-PCR pour enrichir pour les ARN qui ont des adaptateurs ligatés dans l'orientation correcte. Les produits de RT-PCR sont exécutés sur un gel agarose ; les tailles de produits souhaitées sont isolées aux tailles 147pb et 157pb. La bibliothèque purifiée n'est

validée que qualitativement, à l'aide du Bioanalyzer Agilent Technologies 2100. Pour plus de détails, veuillez consulter la figure 19 présentée ci-dessous.

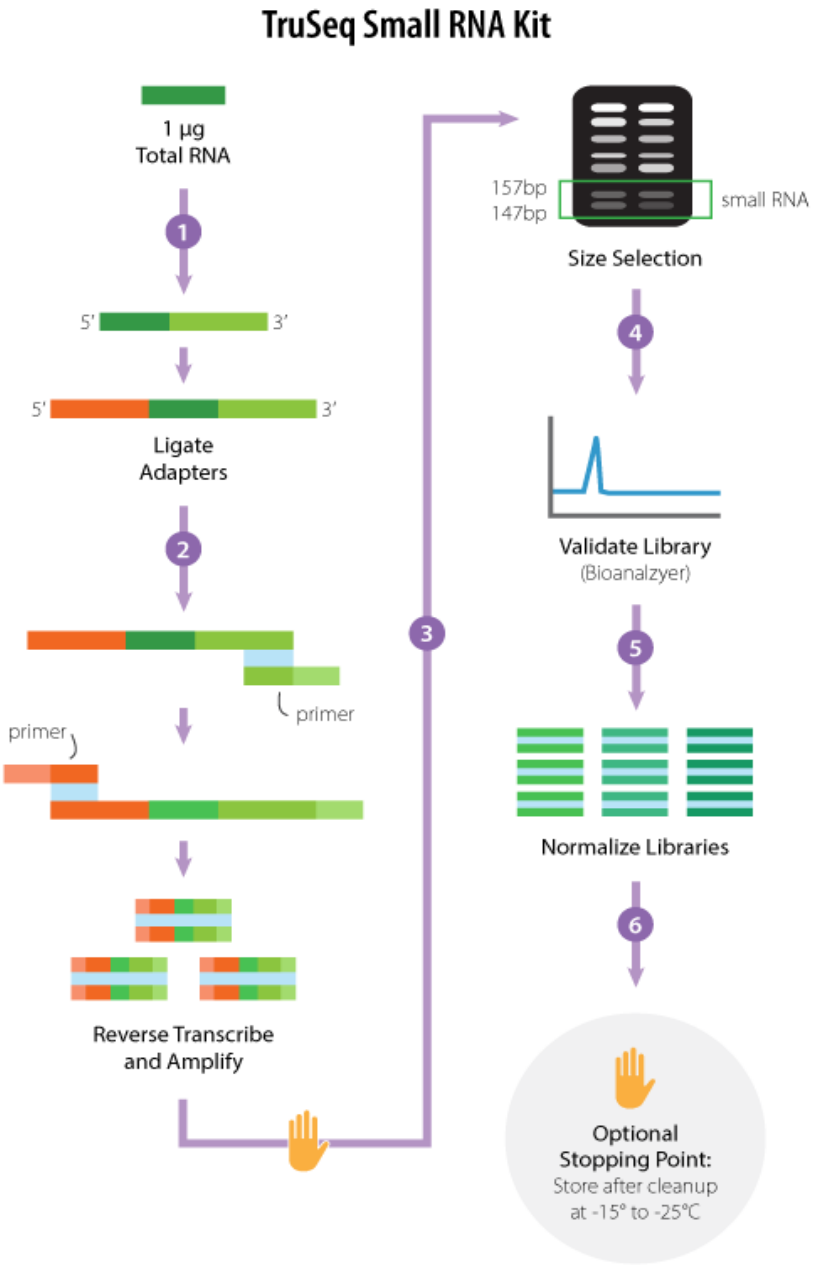


Figure 19. Diagramme de débit général pour le protocole du kit de préparation de la bibliothèque d'ARN de Petite ARN Illumina TruSeq (adapté du protocole du kit de préparation de la bibliothèque de l'ARN de TruSeq).

I.3.3.6 Préparation de la bibliothèque pour le méthyle-seq

Le séquençage de la méthylation, ou Méthyl-Seq, est le séquençage des régions méthylées du génome. L'une des façons d'effectuer le méthyle-Seq est de traiter l'ADN génomique avec du bisulfite pour convertir les cytosines non méthylées en uracils. Les cytosines méthylées sont conservées et peuvent être analysées pour les modèles de méthylation.

– Kit de méthylation de l'ADN d'Illumina Truseq :

Le kit de méthylation de l'ADN truseq est idéal si l'on veut analyser la méthylation du génome. La préparation de la bibliothèque d'échantillons commence par la fragmentation du génome. Une fois terminés, les fragments subissent un traitement de bisulfite pour convertir les cytosines non méthylées en uracils, tout en conservant ceux qui sont méthylés. À l'aide d'amorces aléatoires contenant la séquence d'adaptateur de 5' à l'extrémité de 5', l'amplification de l'ADN se produit. Ensuite, la balise d'adaptateur 3' est ligatée. L'enrichissement PCR pour les fragments ligatés par adaptateur est effectué et, si désiré, des amorces d'indexation pour le séquençage sont ajoutées. La bibliothèque enrichie est purifiée à l'aide de perles magnétiques, avant la validation quantitative de la bibliothèque avec qPCR ou une méthode fluorométrique. L'analyse qualitative est également effectuée avec le Bioanalyzer Agilent Technologies 2100. Pour plus de détails, veuillez consulter la figure 20 présentée ci-dessous.

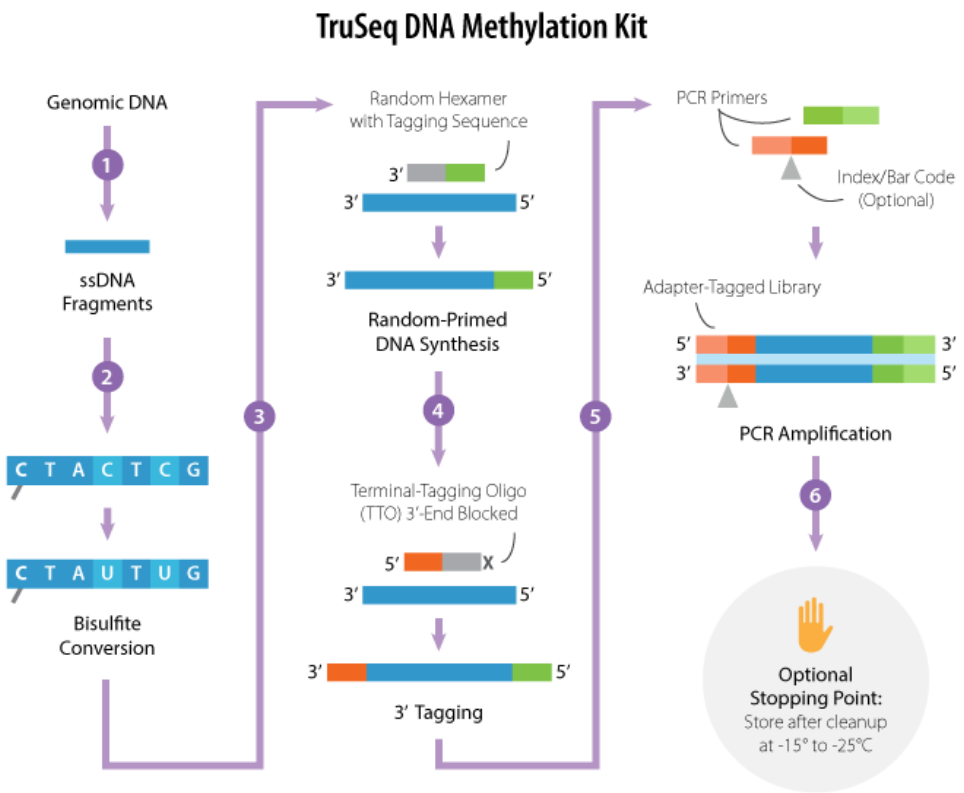


Figure 20. Diagramme de débit général pour le protocole de la trousse de méthylation de l'ADN d'Illumina TruSeq (adapté du protocole du kit de méthylation de l'ADN de TruSeq).

I.3.3.7 Contrôle de la qualité

Avant le séquençage, la bibliothèque d'échantillons doit être validée quantitativement et qualitativement. Ceci est effectué pour vérifier s'il y a une quantité suffisante d'ADN de bonne qualité dans la bibliothèque préparée. La qualité et la quantité jouent un rôle important dans la génération de données. La conséquence d'avoir plus ou moins d'ADN que la quantité optimale fixée par le protocole de bibliothèque est que la réaction de séquençage fonctionne moins efficacement. Cela génère des données de faible qualité à travers des problèmes, y compris des problèmes de lecture de la saturation des cellules de flux, ou une couverture réduite en raison de l'ADN insuffisant. En termes de qualité, une bibliothèque de bonne qualité est celle qui a un ensemble diversifié de fragments d'ADN avec un minimum de fragments en double. Ceci est important parce que lors de l'amplification PCR de certains protocoles de préparation de bibliothèque d'échantillons, des doublons de fragments seront générés. La conséquence des fragments en double est que la réaction de séquençage sera biaisée vers ces fragments (Head et *al.,* 2014). Plutôt que d'avoir un large éventail de fragments séquencés, les mêmes fragments sont séquencés de façon répétitive ; il en résulte une surreprésentation dans la sortie de la machine.

La quantification de la bibliothèque est effectuée à l'aide de qPCR ou d'une méthode fluorométrique comme Qubit. Certaines bibliothèques ne peuvent être quantifiées qu'à l'aide de l'une des deux méthodes. La qualité de la bibliothèque d'échantillons est ensuite vérifiée avec le Bioanalyzer Agilent Technologies 2100.

I.3.3.7.1 qPCR :

qPCR est une méthode de quantification d'une bibliothèque d'échantillons avant le séquençage. Il est idéal lorsqu'il n'y a pas suffisamment de quantité disponible pour la quantification fluorométrique, généralement en raison de l'insuffisance PCR. C'est également une façon plus sensible, par rapport à Qubit, de quantifier les fragments ligatés par adaptateur dans un échantillon. qPCR amplifie sélectivement ces fragments, de sorte qu'il évite les inexactitudes de Qubit qui résultent de l'impossibilité de distinguer entre les fragments qui peuvent et ne peuvent pas être séquencés. Le seul inconvénient de cette procédure est qu'elle prend beaucoup de temps.

I.3.3.7.2 Qubit :

Qubit est une alternative à qPCR pour quantifier une bibliothèque d'échantillons. Par rapport à qPCR, il fournit des résultats plus rapidement ; toutefois, il n'est pas applicable dans les cas où

il n'y a pas d'enrichissement PCR car il est moins sensible que qPCR et nécessite plus d'échantillon. La quantification est effectuée en éclairant et en détectant les colorants qui se lient sélectivement à l'ADN ou à l'ARN. Premièrement, une norme doit être mesurée à l'aide de l'essai approprié. L'échantillon, qui peut être dilué, est ensuite mélangé avec le colorant approprié avant d'être inséré dans la machine.

I.3.3.8 Agilent Technologies 2100 Bioanalyseur

Le Bioanalyzer est utilisé pour vérifier la répartition de la taille de la bibliothèque avant la réaction de séquençage. Il s'agit d'une façon de vérifier que les tailles sélectionnées lors de la préparation de la bibliothèque d'échantillons sont présentes. Le Bioanalyzer se compose d'une machine qui lit des copeaux de gel contenant des échantillons dilués dans les puits. Les puces sont similaires à l'idée de gels agarose, sauf dans un format plus petit. Il y a des détails spécifiques pour les bibliothèques préparées à partir de l'ADN ou de l'ARN, mais les protocoles pour les deux sont très similaires. La première étape consiste à introduire le gel dans la puce et à le pressuriser ; cela distribuera uniformément le gel dans la puce, minimisant les erreurs dans l'analyse de machine plus tard. Une fois terminés, des marqueurs, des échelles et des échantillons (dilués ou non dilués) sont chargés sur la puce. Il peut y avoir des réactifs supplémentaires nécessaires en fonction des exigences du kit. La puce est ensuite vortexée pendant une minute à 2400 tr/min avant d'être chargée sur le Bioanalyzer. La machine surveillera chaque puits pour l'échantillon ; ceci est visualisé avec des pics sur un graphique. L'emplacement des pics indiquera les marqueurs et la répartition de la taille de l'échantillon de la bibliothèque, tandis que la hauteur de pointe indique la quantité de fragments à une taille spécifique. Pour plus de détails, veuillez consulter le kit d'analyse de l'ADN et de l'ARN Agilent ainsi que les pages de produits Agilent Technologies 2100 Bioanalyzer.

I.3.3.9 Applications en aval

Une fois que la bibliothèque d'exemples a été préparée, validée et séquencée, il existe différentes applications pour la sortie de données.

I.3.3.9.1 Séquençage du génome entier

Il existe deux applications en aval pour WGS :

- Création d'un génome complet en assemblant les lectures générées par la réaction de séquençage, ou séquençage ***de novo*** de la sortie (Imelfort et Edwards, 2009). Ceci est utile s'il n'y a pas de séquence de référence pour aligner la sortie afin de générer une séquence complète.

– Alignement de la séquence de sortie avec une séquence de référence (Mardis et *al.*, 2013). Les lectures de séquençage sont alignées sur une séquence d'intérêt de référence à l'aide de différents algorithmes informatiques pour les applications suivantes : détection de polymorphisme nucléotidique unique petites mutations d'insertion/suppression, variation du génome telle que les translocations chromosomiques et les inversions et l'annotation génétique.

I.3.3.9.2 Séquençage de l'ARN

Il existe deux applications en aval pour ARN-Seq :

– Générer un transcriptome en assemblant les lectures générant à partir de la réaction de séquençage, ou ***analyse de novo*** transcriptome de la sortie (Vera et *al.,* 2008). C'est idéal si l'étude d'un organisme non-modèle où il n'y a pas de génome de référence, et les fonds sont insuffisants pour effectuer le séquençage du génome entier ***de novo*** (Castillo et Buell, 2013).

– Alignement de la séquence de sortie avec une séquence de référence. En alignant les lectures de séquençage à une séquence de référence, des variantes du transcriptome ou d'une partie du transcriptome peuvent être détectées. Cela inclut les éléments suivants : gènes à épissures alternatives, ARN non codants et profil d'expression génique (Ozsolak et Milos, 2011).

I.3.3.9.3 Exome-Séquençage

L'application de la séquence de sortie générée par Exome-Seq se limite à l'alignement avec une séquence de référence. Ceci est fait pour détecter les variations dans l'exome tels que les variantes de codage et les troubles mendéliens (Huyghe et *al.,* 2013 ; Ng, et *al.,* 2010).

I.3.3.9.4 Méthyl-Seq

L'application de la sortie générée par Le méthyle-Seq se limite à l'alignement des séquences avec une séquence de référence pour analyser des éléments tels que les interactions ADN-protéines et les lignées cellulaires à travers le modèle de méthylation à travers la séquence (Ng, et *al.,* 2008.).

I.3.4 Application des marqueurs moléculaires dans l'entomologie

Dans le cas de l'espèce *Busseola fusca*, des études au niveau génétique ont permis de mettre au point des marqueurs mitochondriaux (Sezonlin et *al*., 2006). Drury et *al.* (2009) et Semeao et *al*. (2010) ont utilisés les marqueurs microsatellites pour une étude de différenciation génétique des populations de *T. castaneum*. Les marqueurs moléculaires comme les microsatellites et

l'ITS1 ont permis à Sembène (2000) de démontrer l'origine de l'infestation de l'arachide par l'insecte *Caryedon serratus*. L'utilisation des marqueurs moléculaires a permis aussi de démontrer que le même biotype infeste l'arachide dans la sous-région ouest africain (Diome et *al.,* 2011 ; Ndiaye et Sembène, 2011 ; Ndong et *al.,* 2011). Une étude basée sur l'analyse de loci microsatellites hypervariables et une approche phylogéographique basée sur l'ADNmt ont clairement mis en évidence l'existence de deux populations génétiques très différenciées et distinctes de l'espèce *Bemisia tabaci* sur un ensemble d'individus de Tunisie et de Grèce (Saleh, 2008). Les résultats de Kébé (2013) ont montré que les populations ouest-africaines de *Calosobruchus maculatus* forment une unité génétique homogène à l'exception de quelques populations provenant du Togo.

Conclusion

Cette synthèse bibliographique a permis d'actualiser la connaissance sur la littérature scientifique des plantes hôtes (mil et riz), le bio-ravageur *C. cephalonica* et les approches génétiques utilisées dans le domaine de l'entomologie. Ainsi, le séquençage de nouvelle génération (NGS) et les données sur la bio-écologie de l'insecte permettront d'approfondir l'analyse des résultats des études futures sur les déprédateurs des céréales stockées.

CHAPITRE II : Étude des paramètres de développement et du potentiel reproducteur de *Corcyra cephalonica* (Stainton) en fonction du type de substrat alimentaire et de la zone agro-écologique.

CHAPITRE II. Étude des paramètres de développement et de reproduction de *Corcyra cephalonica* (Stainton) en fonction du type de substrat alimentaire et da zone agro-écologique.

Résumé

La présente étude visait à déterminer l'influence du substrat alimentaire (mil et riz) d'une part, et de la zone agro-écologique d'autre part, sur les paramètres de développements et reproducteurs de *C. cephalonica*, un ravageur des céréales stockées. Pour atteindre cet objectif, des grains de mil et de riz ont été collectés dans la plus grande station de conditionnement des semences du Sénégal, située au centre du bassin arachidier et dans le delta du fleuve Sénégal sur les stocks des commerçants locaux. Les œufs des pyrales émergeantes des échantillons de grains ont été utilisés pour effectuer les tests nécessaires. Les résultats ont montré que la durée moyenne du cycle de développement de l'insecte est plus longue dans les grains de mil que dans ceux du riz. De plus, le type de substrat alimentaire a un effet significativement différent sur les durées des stades immatures et mature et la taille des adultes. D'autre part, la différence de rangs entre le nombre de pontes dans les grains était significative (p-value = 0,0090 < 0,05), celle entre les œufs pondus dans les grains l'était aussi (p-value = 0,0237 < 0,05). Cependant, la différence de rang entre les taux d'éclosion des œufs dans les grains n'était pas significative (p-value = 1 > 0,05). Dans cette étude, les tests de corrélations ont révélé qu'il n'y avait pas de relation entre le nombre total d'œufs pondus sur mil et la longévité des mites femelles (Sig.= 0,904 > 0,05), le nombre de pontes et le nombre total d'œufs pondus sur mil (Sig.= 0,785 > 0,05), le nombre de pontes et le nombre total d'œufs pondus sur riz (Sig.= 0,188 > 0,05), le nombre total d'œufs pondus sur mil et la longévité des mites sur riz (Sig.= 0,589 > 0,05), le nombre total d'œufs pondus sur mil et le nombre total d'œufs pondus sur riz (Sig.= 0,742 > 0,05). Cependant, il y'a une forte corrélation entre le nombre total d'œufs pondus sur riz et la longévité des mites femelles sur riz (Sig.= 0,021 < 0,05 et Corrélation de Spearman = 0,878). L'étude a révélé aussi un effet zone agro-écologique non significatif sur le temps d'incubation des œufs mais qui étaient plus élevés dans les populations de *C. cephalonica* issues du centre du bassin arachidier. Le nombre total d'œufs pondus et le pourcentage d'éclosion des œufs sont plus élevés dans les populations en provenance du delta du fleuve Sénégal. Cependant, un effet zone significativement diffèrent a été noté sur la taille, le nombre de pontes et les différentes durées de développement de l'insecte.

Mots clés : *Corcyra cephalonica*, bassin arachidier, substrats alimentaires, paramètres de développement, potentiel reproducteur, zones agro-écologiques, effet zone.

Chapter II: Study of the development and reproduction parameters of *Corcyra cephalonica* (Stainton) based on the type of food substrate and agro-ecological zone.

Abstract

The purpose of this study was to determine the influence of the food substrate (mil and rice) on the one hand, and the agro-ecological zone on the other, on the developmental and reproductive parameters of *C. cephalonica*, a pest of stored cereals. To achieve this goal, millet and rice grains were collected from Senegal's largest seed packing station, located in the centre of the groundnut basin and in the Senegal River Delta from local traders' stocks. The eggs of the emerging moth from the grain samples were used to carry out the necessary tests. The results showed that the average length of the insect's development cycle is longer in millet grains than in rice. In addition, the type of food substrate has a significantly different effect on the duration of immature and mature stages and the size of adults. On the other hand, the difference in rows between the number of laying in the grains was significant (p-value = 0,0090 < 0,05), the one between the eggs laid in the grains was also (p-value = 0,0237 < 0,05). However, the difference in rank between egg hatching rates in grains was not significant (p-value = 1 > 0,05). In this study, correlation tests revealed that there was no relationship between the total number of eggs laid on millet and the longevity of female moths (Sig.= 0,904 > 0,05), the number of clutches and the total number of eggs laid on millet (Sig.= 0,785 > 0,05), the number of clutches and the total number of eggs laid on rice (Sig.= 0,188 > 0,05), the total number of eggs laid on millet and the longevity of moths on rice (Sig.= 0,589 > 0,05), the total number of eggs laid on millet and the total number of eggs laid on rice (Sig.= 0,742 > 0,05). However, there is a strong correlation between the total number of eggs laid on rice and the longevity of female moths on rice (Sig.= 0,021 < 0,05 and Spearman Correlation = 0,878). The study also revealed a non-significant agro-ecological zone effect on egg incubation time but higher in populations of *C. cephalonica* from the central groundnut basin. The total number of eggs laid and the percentage of hatching eggs are higher in populations from the Senegal River Delta. However, a significantly different area effect was noted on the size, number of clutches and different development times of the insect.

Key words: *Corcyra cephalonica*, groundnut basin, food substrates, development parameters, reproductive potential, agro-ecological zones, zone effect.

Introduction

Le mil est la céréale la plus cultivée au Sénégal avec 71% des superficies emblavées en céréales pour la campagne agricole 2011-2012 et 65% pour la campagne 2012-2013. Il pèse en moyenne 42% du total des céréales produites sur notre territoire bien que ne représentant que 26% de la quantité de céréales présente dans l'alimentation des sénégalais (CGER, 2014). Il est cultivé dans tout le pays, notamment dans la région de Kaolack, qui représente 26 % des superficies cultivées et 39 % de la production nationale, estimée à plus de 528 000 t (Ndiaye et *al.*, 2005). Après le mil, le riz est aussi une denrée très appréciée. La population de consommateurs de riz augmente de 1,8 % par an. La production annuelle actuelle de riz est de 560 millions de tonnes et devrait être portée à 850 millions de tonnes d'ici 2025. Ainsi, des variétés de riz ayant un potentiel de rendement et une stabilité de rendement plus élevés sont nécessaire pour relever les défis de l'augmentation de la production de riz et répondre aux besoins d'une population mondiale grandissante (Khush, 1997). En 2012, le riz ne représente que 11% des superficies cultivées en céréales pour 38% de la production céréalière du pays. Principalement cultivée par le système d'irrigation dans la Vallée du Fleuve Sénégal (Saint-Louis) avec 57% des superficies emblavées en riz, il est au centre de la politique d'autosuffisance alimentaire du Sénégal. Il est aussi cultivé en pluvial à Ziguinchor et à Sédhiou avec respectivement 17% et 15% des surfaces en riz. Soulignons que Saint-Louis et Ziguinchor consacrent respectivement 87% et 70% de leurs superficies céréalières à la culture du riz (CGER, 2014). Cependant, la production locale de cette céréale ne peut pas répondre à la demande croissante de riz dans de nombreux pays africains (Balasubramanian et *al.*, 2007). De plus les paysans prêtent peu d'attention sur les stocks de mil, de riz et de maïs (Ndiaye et Niang, 2010) qui sont attaqués par les insectes ravageurs. Selon Seck (1994), au moins quinze espèces d'insectes s'attaquent aux stocks de céréales vivrières en milieu rural et parmi les principales espèces, quatre Coléoptères tels que *Sitophilus zeamais* Motsch., *S. oryzae* (L), *Rhyzopertha dominica* (F.) et *T. castaneum* (Herbst) ainsi que trois Lépidoptères, *Sitotroga cerealella* (Oliv.), *Ephestia cautella* (WLK) et *Corcyra cephalonica* (Staint.). Ce dernier est un redoutable ravageur des stocks de céréales et mérite ainsi une attention particulière. Il infeste le riz, le mil, le blé, le maïs et les cultures légumineuses (Maleck et Parveen, 1989). Toutes les activités de la vie dépendent du type et de la qualité de la matière alimentaire d'un individu. (Andrewartha et Birch, 1954) ont déclaré que la longévité et le potentiel reproducteur des insectes sont influencés par les composants de l'environnement, y compris la température, l'humidité et les aliments. Plusieurs études ont montré que la nature du substrat alimentaire peut influencer le développement des insectes, c'est le cas de *Tribolium castaneum* (Gueye *et al*., 2015, Sow, 2019). Les grains des deux céréales mil et riz auraient des

compositions et valeurs nutritives différentes, ce qui aurait un soubassement sur la bio écologie et le potentiel reproducteur de l'insecte. Quel serait l'effet de ces deux céréales mil et riz sur les paramètres de développement de *C. cephalonica* ainsi que sur son potentiel reproducteur ? De plus, plusieurs auteurs ont démontré que le milieu a un effet sur la bio-écologie des ravageurs, comme celle de Diome et *al.*, (2013) dans l'étude de l'effet des zones agro-écologiques et des cultures d'arachides contiguës au bassin (*Arachis hypogaea*) sur la structuration et la diversité génétique de *Caryedon serratus* (Coleoptera : Chrysomelidae, Bruchinae) dans la sous-région d'Afrique de l'Ouest. Quel serait l'effet des zones agro-écologiques (centre du bassin arachidier et delta du fleuve Sénégal) sur les paramètres de développement de *C. cephalonica* et sur son potentiel reproducteur ? Les deux zones agro-écologiques (centre du bassin arachidier et delta du fleuve Sénégal) ont des conditions climatiques différentes qui influenceraient probablement la bio-écologie du papillon.

C'est dans ce contexte que s'inscrit cette présente étude qui vise à déterminer l'effet de la nature de la céréale et de la zone agro-écoloque sur les paramètres de développement et reproducteur de *C. cephalonica* (Stainton).

II.1 Matériel et méthodes

II.1.1 Conditions de développement de l'insecte

Le suivi des activités de reproduction de la pyrale du riz a été fait dans des températures variant d'un minimum de 27,9 °C à un maximum de 35,5 °C avec une moyenne de 30,44 ± 1,96 °C et une humidité relative moyenne de 73,21 ± 1,74 %.

II.1.2 Site d'échantillonnage

Le choix du site échantillonné a été fait en référence à son importance en capacité de stockage et de sa position géographique avec les zones agro-écologiques. L'échantillonnage a été effectué dans une station de conditionnement des semences située à 14° 39' 4,5'' N ; 16° 15' 19,36'' W appartenant au centre du bassin arachidier et à la zone Sahélo-Soudanienne (SAS) et dans le delta du fleuve Sénégal, chez les commerçants locaux, à Ross Béthio dans le département de Dagana de coordonnées géographiques suivantes : 16° 16' 41,95'' N ; 16° 8' 38,55'' W appartenant à la zone sahélienne (voir figure 21 et Tableau 4). Comme les grains ont été stockés en sacs, le nombre de sacs sur lesquels les prélèvements ont été effectués dépendait du nombre total de sacs entreposés. En effet, sur un lot de 100 sacs, 10 ont été sélectionnés au hasard afin de composer l'échantillon global et les prélèvements s'effectuaient par sondage. Cinquante (50) g par sac de 100 kg de riz ou de mil ont été prélevés, suffisants pour composer

un échantillon global d'au moins 500 g. Une fois prélevés, les échantillons élémentaires ont été soigneusement mélangés.

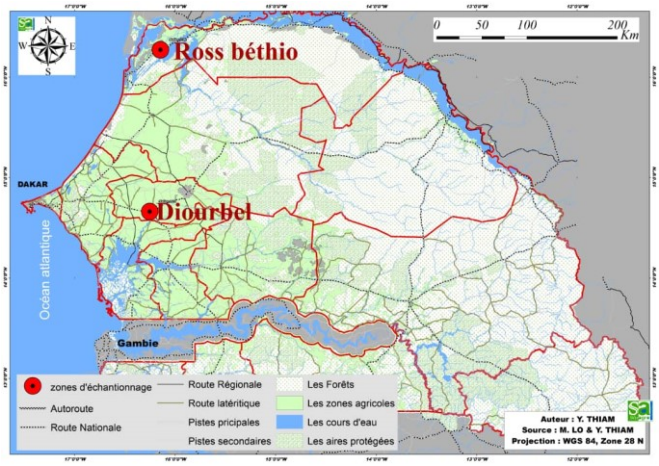


Figure 21. Emplacement géographique des localités échantillonnées dans les zones agro-écologiques.

Tableau 4. Liste des échantillons de mil, infestés par *C. cephalonica,* par localité géographique et acronymes associés.

Z.A.E	Coordonnées géographiques	Codes	Type d'infrastructure de stockage
(CBA)	14° 39' 4,50'' N ; 16° 15' 19,36'' W	MCBA	Magasin de l'état
(DFS)	16° 16' 41,95'' N ; 16° 8' 38,55'' W	MCFS	Magasin du producteur

Légende : Z.A.E = Zone Agro-Écologique ; CBA = Centre du Bassin Arachidier ; DFS = Delta du Fleuve Sénégal ; MCBA = Mil *Corcyra* du Bassin Arachidier ; MCFS = Mil *Corcyra* du Fleuve Sénégal.

II.1.3 Élevage de la pyrale

L'élevage a été effectué au laboratoire en utilisant des souches de *C. cephalonica* provenant des échantillons de mil et de riz de la station de conditionnement. En effet, les céréales récoltées (mil et riz) ont été mises dans des bocaux d'élevage placés dans une chambre à ambiances contrôlées jusqu'à l'émergence des adultes. Ces derniers avaient séjourné 24 heures dans les bocaux pour favoriser la rencontre des deux sexes, par la suite ils ont été récoltés à l'aide d'un tube à essai, sexés en fonction de la présence ou non des palpes labiaux (les femelles ont des palpes labiaux et les mâles en sont dépourvus). Après sexage, les pyrales ont été individuellement placées dans des tambours minus d'un grillage à mailles fines afin de récolter les œufs pondus par les femelles et d'étudier la bio-écologie de l'insecte. Les dates d'émergence du papillon, de ponte et d'éclosion des œufs sont notées.

II.1.4 Étude des paramètres de développement de la pyrale du riz

II.1.4.1 Durée de développement embryonnaire

Les œufs pondus par la femelle ont été mis en incubation dans des boites de Pétri placées dans la chambre à ambiances contrôlées. Le contrôle était quotidien sous la loupe à lumière froide

afin de compter les œufs éclos par rapport au total pondu. L'incubation permet de déterminer la durée d'incubation des œufs ou durée de vie embryonnaire qui correspond au temps qui sépare l'émission d'un œuf et son éclosion.

II.1.4.2 Durée de développement larvaire

Vingt (20) boites à couvercles grillagées ont été utilisées et réparties en deux lots de dix (10) boites chacun. Les boites du lot n°1 contiennent chacune 20g de mil et celles du lot n°2 ont chacune 20g de riz. Les œufs de la pyrale, bien que visibles à l'œil nu, ont été récupérés, placés sur une feuille blanche et contrôlés sous loupes (binoculaire et à main) afin de constituer des lots de dix (10) œufs. Pour l'ensemencement, à l'aide de la tête d'une sonde cannelée, chaque dizaine d'œufs a été glissé et déposé sur une boite placée sous et au rebord de la feuille. Le développement des insectes s'effectuait dans ces boites jusqu'à l'émergence des adultes. Cela nous a permis de déterminer la durée du stade larvaire ou durée larve-nymphe qui est évaluée de l'émergence larvaire jusqu'au début de la nymphose. La durée ponte-nymphe correspond au temps qui sépare l'émission d'œuf et le début de la nymphose.

II.1.4.3 Durée de développement nymphal

La durée de développement nymphal est le temps qui sépare le début de la nymphose et l'émergence du papillon. Pour la détermination de celle-ci, la technique consistait à effectuer un élevage des larves dans de petites boites en plastique contenant des grains de mil ou de riz. Le développement est suivi et les dates d'apparition des nymphes et des adultes ont été déterminées.

II.1.4.4 La durée de vie des adultes mâles et femelles

La durée de vie du papillon ou longévité des adultes a été évaluée de l'émergence du papillon jusqu'à sa mort.

II.1.4.5 Durée du cycle de vie de *C. cephalonica*

La durée du cycle de vie de la pyrale correspond au temps qui s'épare l'émission d'un œuf et la mort du papillon. Elle est égale donc à la somme des durées ponte-nymphe, nymphale et de vie du papillon**.**

II.1.4.6 Biométrie des stades larvaires de *C. cephalonica*

La technique consistait à effectuer un tamisage grâce à une colonne de tamis superposés dans l'ordre décroissante des mailles (des mailles grosses aux mailles fines) sur les céréales mil et riz afin de récupérer les différentes larves en développement provenant des bocaux d'élevage. Ces larves ont été par la suite tuées avec de l'alcool à 95° et la taille (longueur et largeur) pour

les différents stades de développement a été mesurée à l'aide d'un papier millimétré sous loupe binoculaire.

II.1.4.7 Biométrie des adultes de *C. cephalonica*

Des adultes provenant des 20 boites de culture ont été sexés. Les mesures biométriques ont été effectuées sous loupe binoculaire équipée d'un papier millimétré. Elles consistaient à mesurer la longueur et la largeur de la pyrale.

II.1.4.8 Sex-ratio

Le rapport entre le nombre d'individus dans les deux sexes est appelé sex-ratio. Le sex-ratio primaire donne le rapport mâle-femelle au moment de la fécondation, il est généralement de 50/50 chez la plupart des espèces. Le sex-ratio secondaire est déterminé dans la population échantillonnée, il intègre donc les différences induites par la mortalité embryonnaire, la naissance (ou l'éclosion), le développement juvénile, les comportements différents des deux sexes (Marmonier, 2006). Le sex-ratio ou l'indice de reproduction et de répartition numérique des sexes désigne la proportion des descendants femelles sur le nombre total de descendants (Do Thi Khanh, 2005). Il a été calculé par la formule suivante : **Sex-ratio = (∑♀/∑♂+∑♀).**

II.1.5 Étude de la reproduction

Dix tambours, contenant chacune une femelle de *C. cephalonica* copulée dans les boites d'élevage, ont été placés dans une chambre d'émergence du laboratoire. Les femelles ont pondu une quantité importante d'œufs dans les tambours.

II.1.5.1 Fertilité des œufs

La fertilité des œufs correspond au nombre d'œufs éclos par rapport au total d'œufs émis lors d'une ponte. Les œufs éclos comptés pour déterminer la durée d'incubation eux-mêmes avaient servi d'indice pour déterminer la fertilité des œufs pondus par femelle.

II.1.5.2 Nombre de pontes

Le nombre de ponte correspond au nombre de fois qu'une femelle libère des œufs. Le dépôt des œufs commence 24 heures après la copulation et est échelonné sur une longue période de la vie de la femelle. Les activités de ponte occupent 60% de la durée de vie de l'imaginale et la vitesse de ponte décroit régulièrement durant cette période (Le Berre, 1978). Charnov et Skinner (1985) notent qu'en conditions naturelles les insectes s'accouplent souvent avec plusieurs partenaires et pondent à plusieurs reprises. L'ensemble des pontes d'une femelle sera considéré comme étant le nombre de ponte de cette dernière.

II.1.5.3 Les œufs pondus par femelle

Les œufs pondus étaient déversés à travers le grillage du tambour et récupérés au niveau du bouchon secondaire de ce dernier. Les œufs étaient comptés chaque jour après chaque ponte jusqu'à la fin des pontes et la mort de la femelle. Ainsi le nombre total d'œufs pondus par une femelle correspondant à l'ensemble des œufs issus de toutes les pontes d'une femelle a été déterminé. La ponte constitue une phase extrêmement importante de la vie d'un insecte, elle doit s'accomplir au bon moment et dans un endroit adéquat afin de maximiser les probabilités de survie des descendants (Joseph et *al.*, 2009 ; Notter-Hausmann et Dorn, 2010). La fécondité et le nombre des pontes ont été calculés après 24 heures de ponte.

II.1.5.4 Étude du développement de la pyrale du riz entre zones agro-écologiques

Vingt (20) boites à couvercles grillagées et contenant chacune 20g de mil stérilisés au froid, ont été utilisées et réparties en deux dizaines. Les œufs de la pyrale, bien que visibles à l'œil nu, ont été récupérés, placés sur une feuille blanche et contrôlés sous loupes (binoculaire et à main) afin de constituer des lots de dix (10) œufs issus du MCBA d'une part, et du MDFS d'autre part. Pour l'ensemencement, à l'aide de la tête d'une sonde cannelée, chaque dizaine d'œufs a été glissé et déposé sur une boite placée sous et au rebord de la feuille. Le développement des insectes s'effectuait dans ces boites jusqu'à l'émergence des adultes.

II.1.6 Analyses statistiques

Les données des paramètres de développement et de reproduction de la pyrale du riz ont été traitées avec les logiciels EXCEL® 2016, XLSATAT 2014.lnk et IBM SPSS version 24. Le tableur Excel avait permis la collecte des données. XLSTAT a été utilisé pour faire L'ANCOVA (Analyse de covariance) qui peut être vue comme un mélange d'ANOVA et de régression linéaire puisque la variable dépendante est de même nature, le modèle est aussi linéaire, et les hypothèses sont identiques. Ce type d'analyse, sur des échantillons indépendants, permettait de vérifier l'effet d'une variable qualitative (substrat alimentaire) sur une variable quantitative (durées des stades immatures et matures de l'insecte, biométrie des stades larvaires et des adultes, le sex-ratio, le cycle de vie, l'incubation des œufs etc.) et de déceler les effets d'interaction (Interaction : l'effet d'un facteur dépend de la modalité du deuxième facteur (exemple : l'effet céréale dépend du sexe)) entre les différents facteurs (inertie au niveau 2) complété par des tests paramétriques plus puissants au rejet de l'hypothèse nulle (comparaison multiple par paire de type Tukey HSD) tout en respectant les conditions de validités de l'ANCOVA (l'indépendance des résidus, le diagnostic de la normalité, le diagnostic de l'homogénéité des variances et le diagnostic des résidus hors normes). Au cas où ces conditions

n'étaient pas vérifiées, des tests non paramétriques, de type Mann-Withney, plus robustes sont effectués puisque les variables sont discrètes, indépendantes et quantitatives. Le logiciel IBM SPSS version 24 avait servi à la réalisation de corrélation, de type Spearman, entre variables quantitatives afin de déceler leur degré de liaison et la significativité du test. Les différences de moyennes entre les différentes populations prises deux à deux étaient comparées par la plus petite différence significative au seuil de 5 %.

II.2 Résultats

II.2.1 Étude des paramètres de développement de la pyrale

II.2.1.1 Durée de développement embryonnaire

Les durées de développement embryonnaire des œufs des femelles issues des grains de mil et de riz sont égales (4,8±1,0328 et 4,8±0,4216 jours respectivement) et leur différence de moyenne n'était pas significative (p-value = 0,5810 > 0,05).

II.2.1.2 Durée de vie du stade larvaire dans les grains

La durée moyenne du stade larvaire de *C. cephalonica* variait en fonction du type de grains. Elle était de 54,1 ± 1,10 jours dans le mil et 38,30 ± 0,67 jours dans le riz. La différence entre les durées du stade larvaire était très significative (p-value = 0,0001 < niveau de signification alpha = 0,05).

II.2.1.3 Durée du stade nymphal

Le suivi de la longévité nymphale a révélé une durée moyenne de 21,75 ± 5,60 jours sur les grains de mil et 10,63 ± 0,92 jours sur les grains de riz. La différence entre les durées du stade nymphal était très significative (p-value = 0,0008 < 0,05).

II.2.1.4 Durée de vie des adultes mâles et femelles

Le suivi de la longévité des adultes de *C. cephalonica* a montré que cette durée de vie variait en fonction de l'aliment. Elle était en moyenne de 12 ± 3,74 jours sur les grains de mil et 6,25 ± 2,14 jours sur les grains de riz. Ainsi, la longévité est plus élevée sur le mil que sur le riz. La différence de moyennes entre les longévités des adultes était significative (p-value < 0,0001 ; < 0,05). La longévité du papillon mâle est supérieur à celle du papillon femelle pour l'ensemble des deux céréales. Étant donné que la p-value calculée (0,5737) avec le Test de Mann-Whitney / Test bilatéral est supérieure au seuil de significativité alpha = 0,05, la différence de longévité entre les deux sexes dans les grains n'est pas significative.

II.2.1.5 Cycle de vie de *C. cephalonica* sur les grains de mil et de riz

Le suivi du cycle de vie de la pyrale montre qu'il est plus long sur les grains de mil (92,94 ± 7,23 jours) que sur ceux du riz (57,44 ± 4,15 jours) (tableaux 5). La différence de durée entre les cycles était très significative (p-value = (< 0,0001) < niveau de significativité alpha = 0,05).

Tableau 5. Durée des différentes phases de développement de la pyrale du riz en fonction de la nature de la céréale

Durée (en jours)	mil	riz	N
Incubation	4,8±1,03280	4,8±0,42164	20
Stade larvaire	54,1±1,10050	38,3±0,67495	20
Nymphale	21,75±5,59974	10,6250±0,91613	16
Adules mâles	14,1250±3,68152	6,8750±2,94897	16
Adultes femelles	9,8750±2,47487	5,6250±0,51755	16
Cycle du mâle	94,8750 ± 8,20170	60,8750±3,04432	16
Cycle de la femelle	91 ± 6,02376	54 ± 0,755 9 3	16
Cycle total	92,9375±7,23389	57,4375 ± 4,14679	32

II.2.1.6 Biométrie des stades larvaires

La biométrie effectuée sur les larves a montré six stades larvaires (voir figure 22) :

- Stade 1 : la longueur varie de 1,1 à 2 mm et la largeur est de 0,2 mm ;
- Stade 2 : la longueur varie de 3 à 4 mm et la largeur est de 0,4 mm ;
- Stade 3 : la longueur varie de 2,8 à 5 mm et la largeur variant de 0,4 à 0,5 mm ;
- Stade 4 : la longueur varie de 4,5 à 9 mm et la largeur est de 0,8 mm ;
- Stade 5 : la longueur varie de 3,5 à 9 mm et la largeur varie de 0,8 à 1 mm ;
- Stade 6 : la longueur varie de 8 à 13 mm et la largeur est de 2 mm.

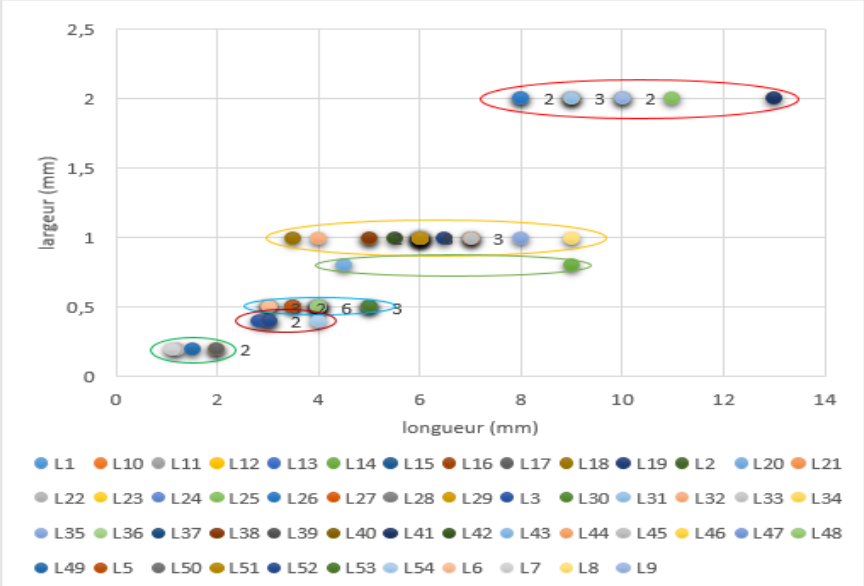


Figure 22. Nuages de points de la biométrie des stades larvaires sur mil

II.2.1.7 Biométrie des adultes

La biométrie des adultes a révélé une longueur moyenne de 10,23 ± 1,27 mm et 8,65 ± 1,23 mm respectivement pour le mil et le riz. Ainsi la longueur de la pyrale est plus élevée dans le mil que dans le riz. Cette différence de longueur en fonction de l'aliment était très significative (p-value = 0,0001 < niveau de significativité alpha = 0,05). L'insecte a une largeur moyenne de 2,08±0,19 mm sur les grains de riz et 2,83 ± 0,71 mm sur ceux du mil. La différence de moyenne entre ces deux types de substrat alimentaire est significative (p-value = 0,0046 < niveau de significativité alpha = 0,05).

- **Synthèse des comparaisons multiples par paires pour Céréales (Tukey (HSD)) :**

Les moyennes de longueur de la pyrale sur les céréales mil et riz sont significativement différentes car appartenant à des groupes différents. Les différences de moyennes entre les largeurs de la pyrale dans les grains de mil et de riz sont significatives car elles appartiennent aussi à des groupes différents (tableau 6).

Tableau 6. Comparaisons multiples par paires de la taille pour les céréales

Modalité	Moyenne estimée (mm)		Groupes	
	longueur	Largeur		
mil	9,4571	2,8857	A	
riz	7,9667	2,0833		B

- **Synthèse des comparaisons multiples par paires pour Sexe*Céréales (Tukey (HSD))**

Les moyennes estimées des effets (F*RIZ et M*MIL), (F*RIZ et M*RIZ), sur la longueur de la pyrale, ne sont pas significativement différentes. Cependant, la moyenne de l'effet F*MIL sur la longueur est significativement différente avec les autres (tableau 7).

Tableau 7. Comparaisons multiples par paires de la longueur pour l'effet céréale en fonction du sexe (sexe*céréales)

Modalité	Moyenne estimée (longueur(mm))	Groupes		
F*MIL	10,2000	A		
M*MIL	8,7143		B	
F*RIZ	8,3333		B	C
M*RIZ	7,6000			C

Légende : M*MIL = effet du mil en fonction du sexe mâle, M*RIZ = effet du riz en fonction du sexe mâle, F*MIL = effet du mil en fonction du sexe femelle, F*RIZ = effet du riz en fonction du sexe femelle.

Les moyennes estimées des effets F*MIL et M*MIL, et celles de M*MIL, F*RIZ et M*RIZ sur la largeur ne sont pas significativement différentes. Cependant l'influence F*MIL est significativement différente avec celles de F*RIZ et M*RIZ (tableau 8).

Tableau 8. Comparaisons multiples par paires de la largeur pour l'effet céréale en fonction du sexe (sexe*céréales)

Modalité	Moyenne estimée (Largeur (mm))	Groupes	
F*MIL	3,2000	A	
M*MIL	2,5714	A	B
F*RIZ	2,1667		B
M*RIZ	2,0000		B

– **Synthèse pour tous les Y**

La différence de taille de *C. cephalonica* (Longueur et Largeur) est très significativement différente (tableau 9).

Tableau 9. Synthèse pour tous Y

	Longueur (mm)	Largeur (mm)
R^2	0,7918	0,4753
F	24,0832	5,7374
Pr > F	**< 0,0001**	**0,0057**

– **Synthèse (Moyenne estimée) – Sexe**

La taille est plus élevée chez la femelle que chez le mâle, en plus son évolution se fait dans le même sens dans les deux sexes (longueur moyenne = 9.27 mm pour les femelles et 8.16 mm pour les mâles ; largeur moyenne = 2.68 mm pour les femelles et 2.29 mm pour les mâles). La différence de moyenne entre les mâles et les femelles est significative pour la longueur et non significative pour la largeur (Figure 23).

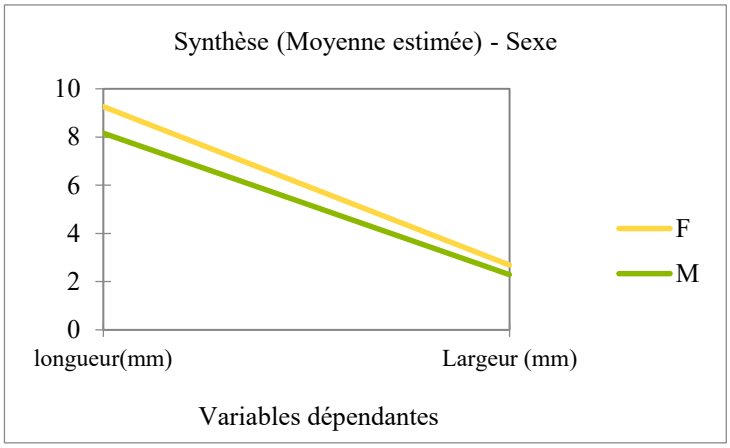


Figure 23. Graphique des moyennes de variation de taille en fonction du sexe

– **Synthèse (Moyenne estimée) – Céréales**

La taille est plus importante dans les grains de mil que dans ceux du riz. La différence de moyenne dans les grains de mil et de riz est significative pour la longueur et pour la largeur (tableau 10 et figure 24).

Tableau 10. Variation de la taille en fonction des céréales

	longueur(mm)		largeur (mm)	
mil	**A**	9,4571	**A**	2,8857
riz	**B**	7,9667	**B**	2,0833

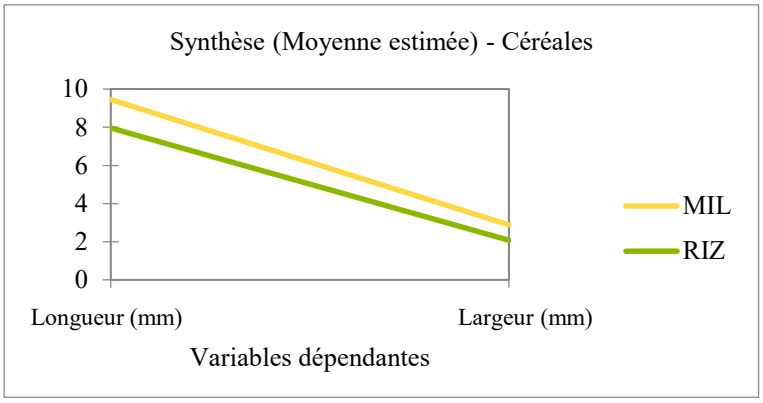


Figure 24. Graphique des moyennes de variation de taille en fonction des céréales

– **Synthèse (Moyenne estimée) - Sexe*Céréales**

La taille est plus élevée avec l'influence du sexe féminin sur le mil. Les moyennes estimées des effets F*RIZ et M*MIL sur la longueur de la pyrale ne sont pas significativement différentes ; F*RIZ et M*RIZ aussi ne sont pas significativement différentes. Cependant, la moyenne de la modalité F*MIL sur la longueur est significativement différente avec les autres. Les moyennes estimées des modalités F*MIL et M*MIL, et celles de M*MIL, F*RIZ et M*RIZ sur la largeur ne sont pas significativement différentes. Cependant la modalité F*MIL est significativement différente avec celles de F*RIZ et M*RIZ (tableau 11 et figure 25).

Tableau 11. Variation de la taille en fonction de l'effet d'interaction céréale et sexe (sexe*céréales)

	longueur(mm)		Largeur (mm)	
F*mil	**A**	10,2000	**A**	3,2000
M*mil	**B**	8,7143	**AB**	2,5714
F*riz	**BC**	8,3333	**B**	2,1667
M*riz	**C**	7,6000	**B**	2,0000

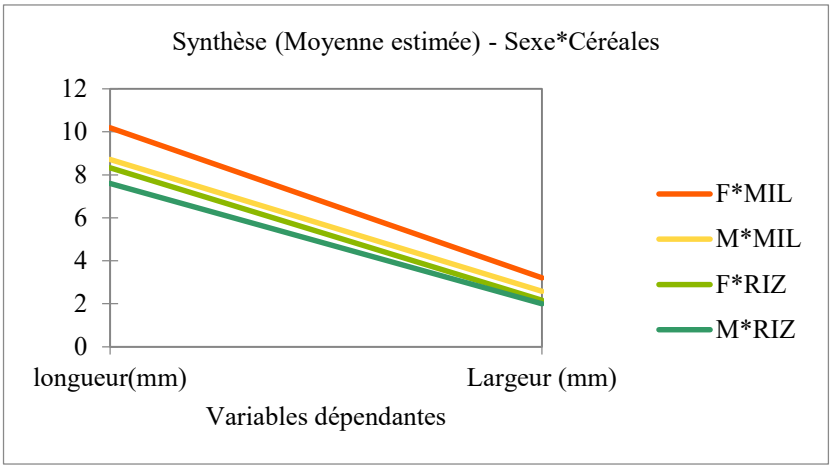


Figure 25. Graphique des moyennes de variation de taille en fonction de l'effet des coactions céréale et sexe (sexe*céréales)

– **Régression de la variable longueur (mm)**

Les facteurs sexe et céréales ont des effets très significatifs sur la longueur de l'insecte (p-value = < 0,0001 < 0,05), alors que l'effet céréale en fonction du sexe (sexe*céréales) n'a pas d'effet significatif sur la longueur de *C. cephalonica* (p-value = 0,09 > 0,05) (cf. tableau 12).

Tableau 12. Analyse Type III Sum of Squares (Variable longueur (mm)) :

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Sexe	1	6,9401	6,9401	27,6910	**< 0,0001**
Céréales	1	12,5240	12,5240	49,9708	**< 0,0001**
Sexe*Céréales	1	0,7978	0,7978	3,1833	0,0904

L'analyse du tableau 13 traduisant les paramètres du model révèle la nature des effets de ces facteurs. En fait le sexe féminin et la céréale mil ont des effets positifs significatifs sur la longueur alors que l'effet du mil en fonction du sexe femelle a un effet positif non significatif sur la longueur de la pyrale.

Tableau 13. Paramètres du modèle (Variable longueur (mm)) :

Source	Valeur	Erreur standard	t	Pr > |t|	Borne inf. (95%)	Borne sup. (95%)
Constante	7,6	0,22	33,95	< 0,0001	7,13	8,07
Sexe-F	0,73	0,30	2,42	0,0258	0,10	1,37
Céréale-mil	1,11	0,29	3,80	0,0012	0,50	1,73
Sexe-F*Céréale-mil	0,75	0,42	1,78	0,0904	-0,13	1,64

Le graphique des moyennes révèle que la moyenne des longueurs est plus élevée au niveau du sexe féminin (figure 26a), de la céréale-mil (figure 26b) et en fin au niveau de la céréale-mil et du sexe féminin avec l'effet céréale en fonction du sexe (figures 26c et 26d). Nous pouvons

parler donc des effets sexe, céréales et effet céréale en fonction du sexe (sexe*céréales) sur la taille (longueur).

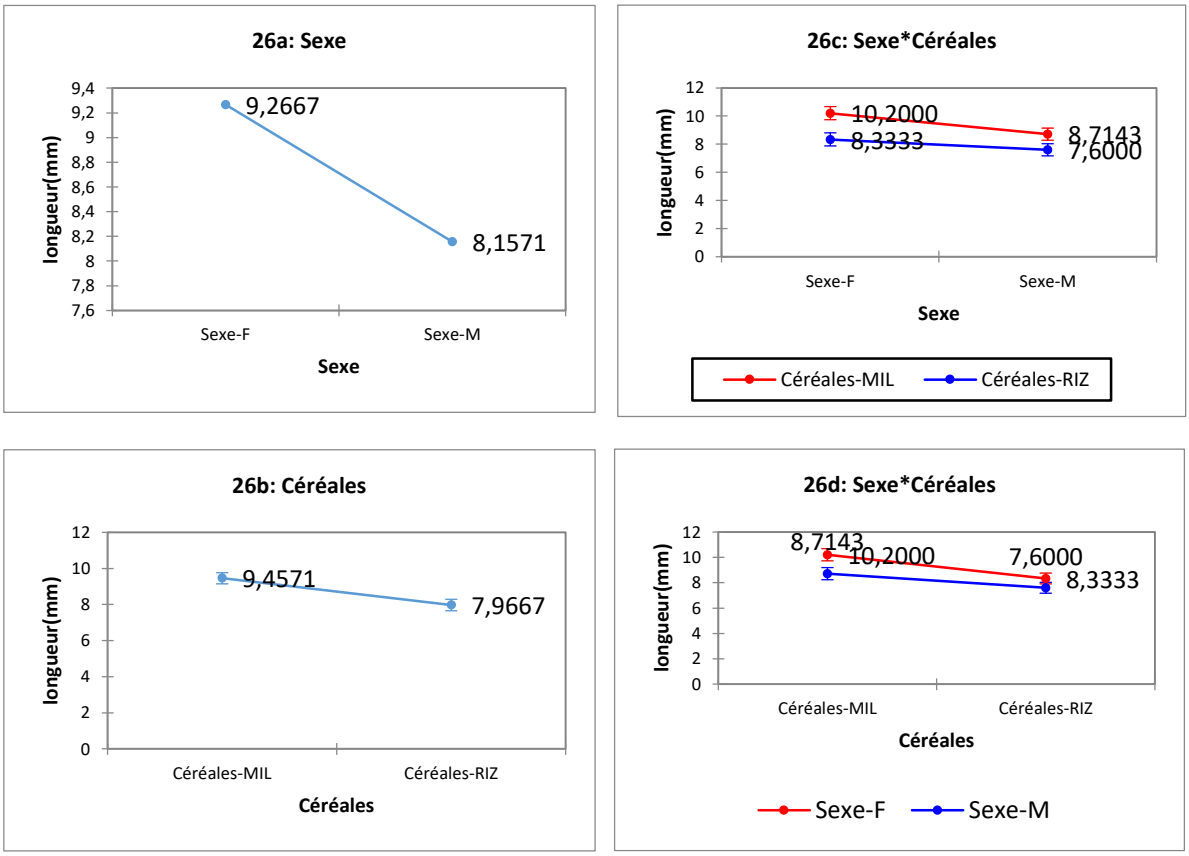


Figure 26. Graphiques des moyennes de la longueur en fonction du sexe, des céréales mil et riz et de l'effet des coactions céréale et sexe (sexe*céréales)

– **Régression de la variable Largeur (mm) :**

Les facteurs sexe et sexe*céréales ont des effets non significatifs sur la largeur de l'insecte (p-values = 0,078 et 0,29, respectivement, > 0,05). Cependant, le type de céréales a un effet significatif sur la largeur de *C. cephalonica* (p-value = 0,0013 < 0,05) (voir tableau 14).

Tableau 14. Analyse Type III Sum of Squares (Variable Largeur (mm)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Sexe	1	0,8913	0,8913	3,4934	0,0771
Céréales	1	3,6296	3,6296	14,2259	0,0013
Sexe*Céréales	1	0,3007	0,3007	1,1786	0,2912

Légende : sexe*céréales = interaction entre le sexe et les céréales.

Les graphiques des moyennes révèlent que la moyenne de la largeur est plus élevée chez le sexe féminin (27a), la céréale mil (27b) et enfin aux niveaux du sexe féminin et la céréale mil pour l'effet céréale en fonction du sexe (27c et 27d).

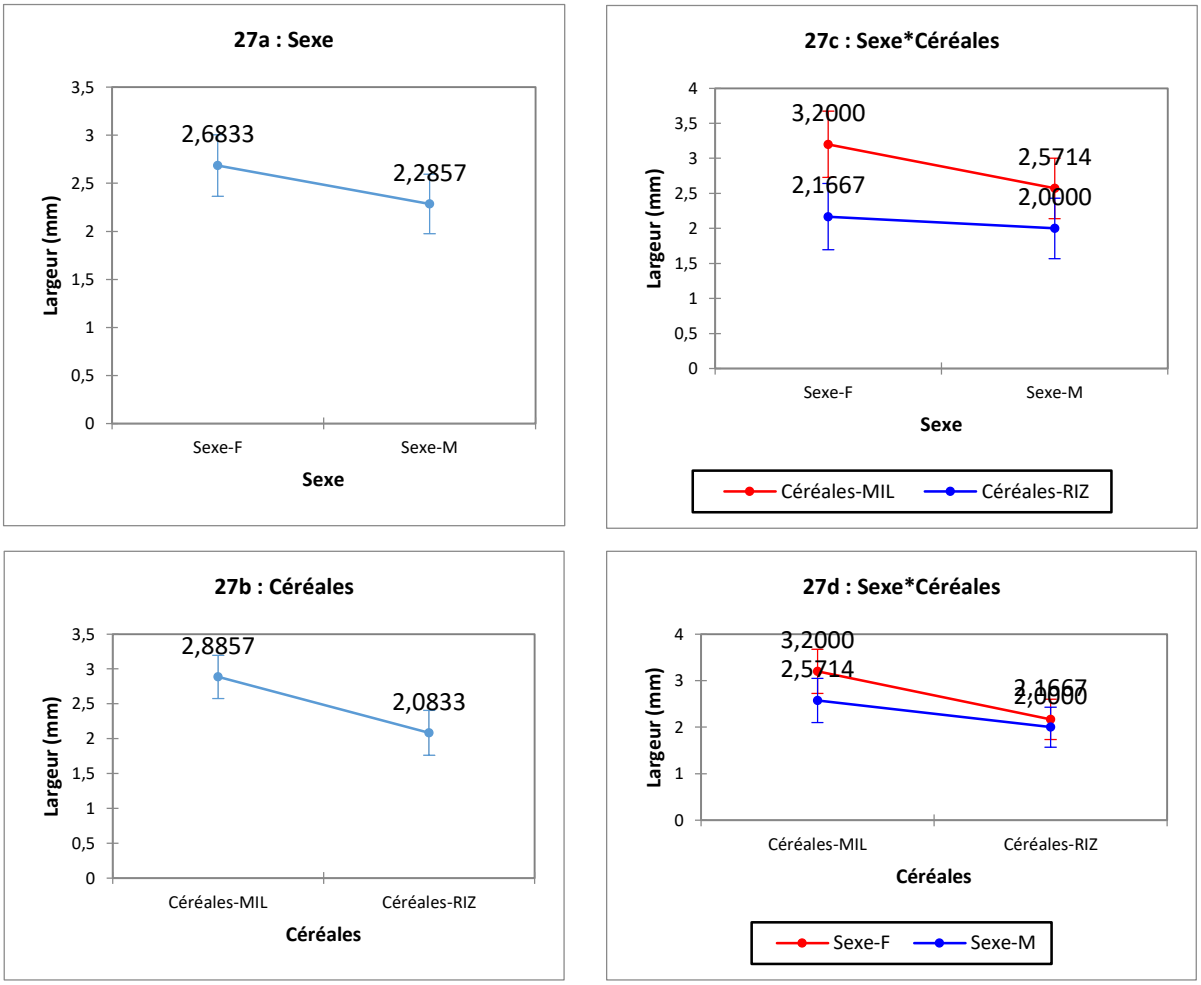


Figure 27. Graphiques des moyennes de la largeur en fonction du sexe, de la nature de la céréale et de l'interaction sexe*céréales

II.2.1.8 Sex-ratio

Le sex-ratio (pourcentage de femelle) évolue différemment selon le type de substrat alimentaire utilisé. Il est en faveur des mâles sur les grains de mil et en faveur des femelles sur les grains de riz. (Tableau 15).

Tableau 15. Émergence des adultes et sex-ratio (R) de *Corcyra cephalonica* en fonction de la nature des aliments :

Céréales	Nombre d'adultes	Males	Femelles	% Femelles
mil	48	29	19	39,58
riz	28	7	21	75

Le tableau 16 et la figure 28 montrent que le mode est en faveur du sexe masculin (M) avec une fréquence de 58,33 % et un effectif de 7 pour le sexe masculin contre 41,67 % et un effectif de 5 pour le sexe féminin sur le mil. Cependant, le mode, pour le sexe féminin (F), est d'une

fréquence de 54,55 % avec un effectif de 6 contre 45,45 % et un effectif de 5 pour les mâles sur le riz.

Tableau 16. Tableau montrant la relation entre le sexe et le type de céréale

Échantillon	Nb. d'obser.	Nb. de modalités	Mode	Modalité	Fréquence par modalité (%)
Sexe | MIL	12	2	M	F	41,6667
				M	58,3333
Sexe | RIZ	11	2	F	F	54,5455
				M	45,4545

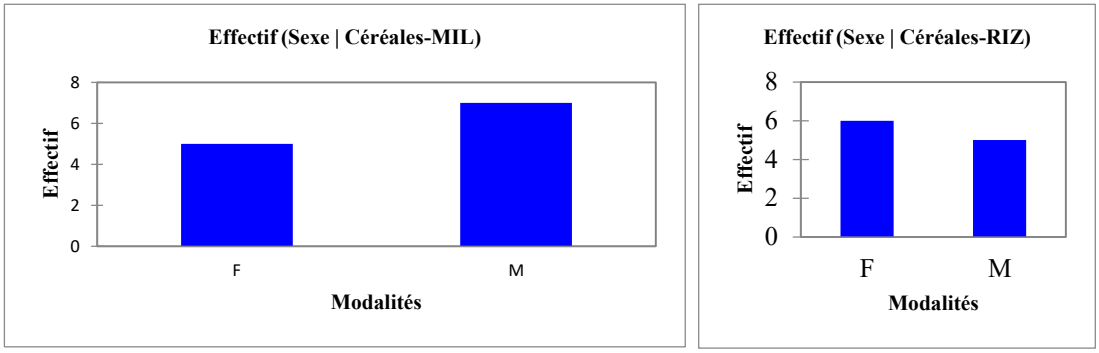


Figure 28. Diagrammes en bâtons montrant l'effet de la céréale sur le sexe de la pyrale

II.2.2 Étude des paramètres reproducteurs de la pyrale

II.2.2.1 Comparaison des activités de pontes des pyrales issues des grains.

Les données des tableaux 17 et 18 renseignent sur l'activité de ponte de la pyrale sur les grains. Ainsi, le nombre de pontes des femelles oscille d'un minimum de 2 à un maximum de 9 pontes avec une moyenne de 6,5 ± 0,85 pontes sur les grains de mil ; d'un minimum de 2 pontes à un maximum de 3 pontes avec une moyenne de 2,33 ± 0,21 pontes sur les grains de riz. La différence de rangs entre les pontes des femelles issues des grains de mil et de riz est significative (p-value. = 0,0090 < 0,05) (tableau 19).

Le suivi du nombre total d'œufs pondus par femelle pour l'ensemble de ses pontes révélé un minimum de 18 et un maximum de 157 œufs avec une moyenne de 86,75 ± 16,66 œufs sur les grains de mil (tableaux 17) ; un minimum de 5 et un maximum de 46 œufs avec une moyenne de 21,82 ± 6,98 œufs sur les grains de riz (tableau 18). La moyenne du nombre d'œufs pondus par ponte évolue dans le même sens que le nombre de pontes pour les pyrales issues des grains de riz ; elle est d'autant plus élevée que le nombre de pontes augmente et réciproquement (cf. figure 30) ; et inversement pour celle des pyrales issues des grains de mil (cf. figure 29). La

différence de rang entre les œufs pondus dans les grains est significative (p-value = 0,02 < 0,05) (cf. tableau 20).

Tableau 17. Activités de ponte de *C. cephalonica* sur le mil :

Pontes	1	2	3	4	5	6	7	8	9	Nb. P	Nb. T O P
Nb. d'observations	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8
Minimum	5	2	3	1	1	1	2	6	1	2	18
Maximum	89	38	40	42	17	15	23	9	3	9	157
Moyenne	37,13	12,50	11,86	11,29	4,83	7,33	7,17	7,50	2	6,5	86,75
Ecart-type de la moyenne	12,26	4,05	4,88	5,60	2,47	2,54	3,34	1,50	1	0,85	16,67

Légende : Nb. P = Nombre de Pontes ; Nb. TOP = Nombre Total d'œufs Pondus.

La courbe de tendance la figue 28 montre une diminution progressive du nombre d'œufs par ponte lorsque le nombre de pontes augmente.

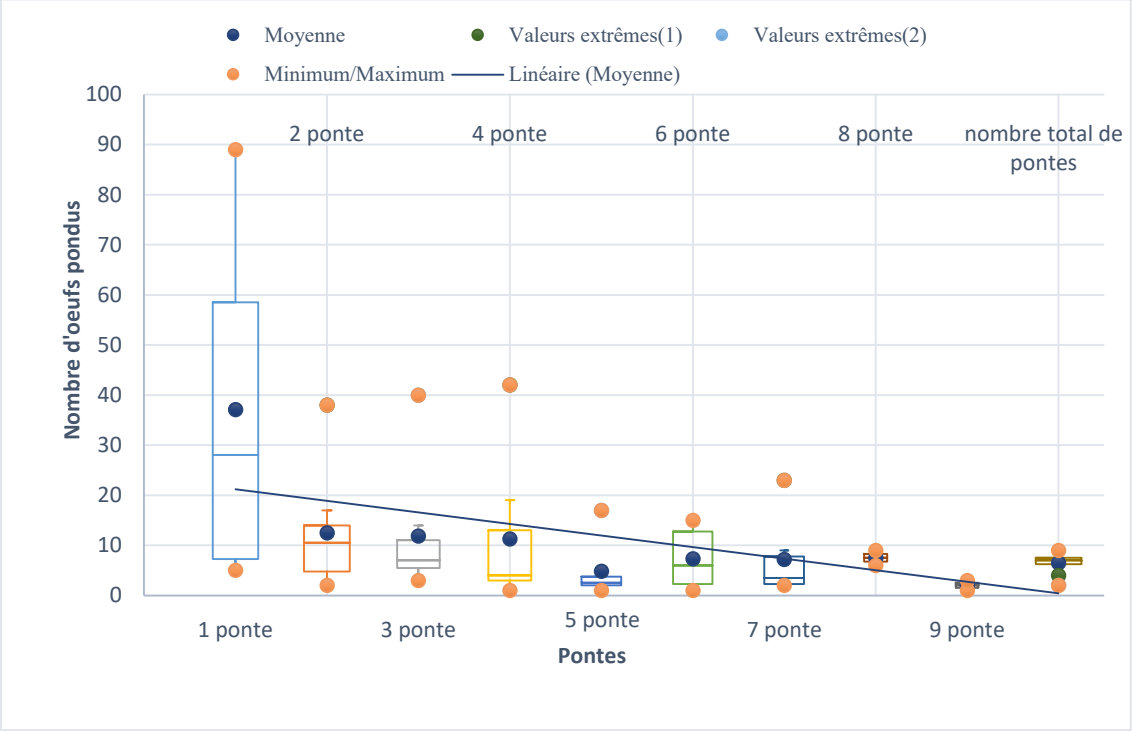


Figure 29. Évolution des activités de pontes de la pyrale sur mil.

Tableau 18. Activités de pontes de *C. cephalonica* sur le riz :

Pontes	1	2	3	Nb. de pontes	Nb. total d'œufs pondus
Nb. d'observations	6	6	6	6	6
Minimum	1	2	2	2	5
Maximum	14	30	24	3	46
Moyenne	5,83	11,67	13	2,33	21,83
Écart-type de la moyenne	1,85	5,37	11	0,21	6,98

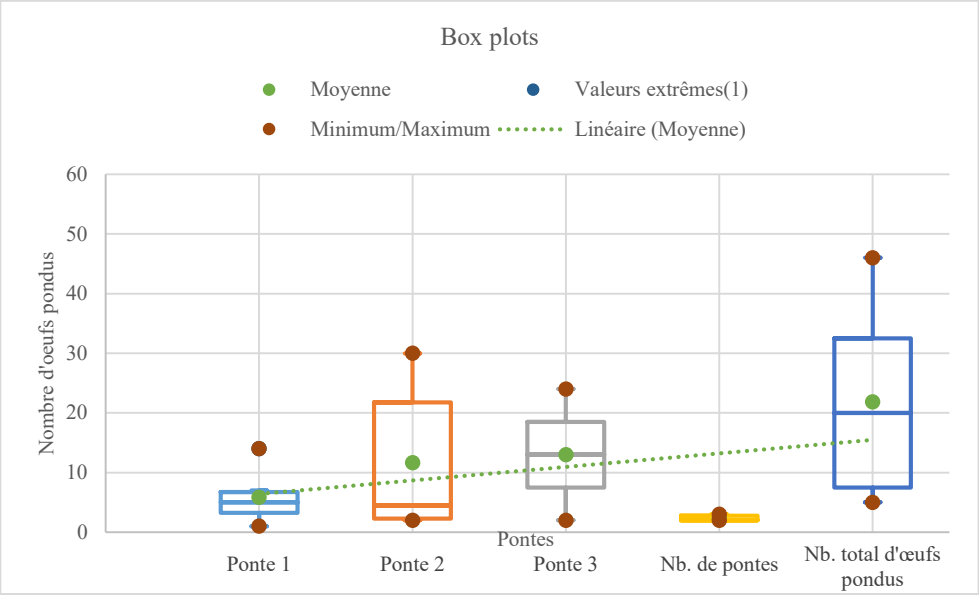


Figure 30. Évolution des activités de pontes de la pyrale sur riz.

Tableau 19. Comparaison entre les nombres des pontes des œufs de *C. cephalonica* dans les grains :

U	44,0000
Espérance	24,0000
Variance (U)	55,7802
p-value (bilatérale)	**0,0090**
alpha	0,05

Une approximation a été utilisée pour calculer la p-value.

Tableau 20. Comparaison entre les nombres totaux d'œufs pondus dans les grains :

U	42,0000
Espérance	24,0000
Variance (U)	59,8681
p-value (bilatérale)	**0,0237**
alpha	0,05

Une approximation a été utilisée pour calculer la p-value.

II.2.2.2 Fertilité des œufs

La fertilité des œufs pondus par les femelles varie d'un minimum de 10 à un maximum de 90 % avec une moyenne de 36,11 ± 30,73 % pour le riz ; d'un minimum de 20 et un maximum de 40 % avec une moyenne de 28,33 ± 7,33 % pour le mil (tableau 21). La différence entre les taux d'éclosion des œufs des mites féminines issues des grains de riz et de mil n'est pas significative (p-value = 1 > 0,05) (tableau 22).

Tableau 21. Taux d'éclosion en fonction des céréales mil et riz :

Variable	Observations	Minimum	Maximum	Moyenne	Écart-type
% d'éclosion riz	6	10	90	36,11	30,73
% d'éclosion mil	6	20	40	28,33	7,53

Tableau 22. Corrélation entre les taux d'éclosion des œufs de *C. cephalonica* dans les grains :

U	18,0000
Espérance	18,0000
Variance (U)	37,7727
p-value (bilatérale)	1,0000
alpha	0,05

Une approximation a été utilisée pour calculer la p-value.

II.2.2.3 Effet de la longévité du papillon sur l'activité de ponte

Sig. = 0,79 > 0,05 ; ce qui induit qu'il n'y a pas de relation entre le nombre de pontes et le nombre total d'œufs pondus sur mil (tableau 23).

Tableau 23. Analyse des relations entre le nombre de pontes et le nombre total d'œufs pondus par les femelles issues des grains de mil

			Nombre de pontes	Nombre total d'œufs pondus
Rho de Spearman	Nombre de pontes	Coefficient de corrélation	1,000	0,116
		Sig. (bilatéral)	.	0,785
		N	8	8
	Nombre total d'œufs pondus	Coefficient de corrélation	0,116	1,000
		Sig. (bilatéral)	0,785	.
		N	8	8

Sig. = 0,19 > 0,05 ; ce qui induit qu'il n'y a pas de relation entre le nombre de pontes et le nombre total d'œufs pondus sur riz (tableau 24).

Tableau 24. Analyse des relations entre le nombre de pontes et le nombre total d'œufs pondus par les femelles issues des grains de riz.

			Nombre de pontes	Nombre total d'œufs pondus
Rho de Spearman	Nombre de pontes	Coefficient de corrélation	1,000	0,621
		Sig. (bilatéral)	.	0,188
		N	6	6
	Nombre total d'œufs pondus	Coefficient de corrélation	0,621	1,000
		Sig. (bilatéral)	0,188	.
		N	6	6

Il n'y a pas de corrélation entre : le nombre total d'œufs pondus sur mil et la longévité des mites sur riz (Sig. = 0,589 > 0,05), le nombre total d'œufs pondus sur mil et le nombre total d'œufs pondus sur riz (Sig. = 0,742 > 0,05). Cependant, il y'a une forte corrélation entre le nombre total d'œufs pondus sur riz et la longévité des mites femelles sur riz (Sig. = 0,02 < 0,05 et Corrélation de Spearman = 0,88) (tableau 25).

Tableau 25. Analyse des relations entre le nombre total d'œufs pondus sur mil, la longévité sur riz et le nombre total d'œufs pondus sur riz :

			Longévité sur riz	NTOPM	NTOPR
Rho de Spearman	Longévité sur riz	Coefficient de corrélation	1,000	0,227	**0,878***
		Sig. (bilatéral)	.	0,589	**0,021**
		N	8	8	6
	NTOPM	Coefficient de corrélation	0,227	1,000	0,174
		Sig. (bilatéral)	0,589	.	0,742
		N	8	8	6
	NTOPR	Coefficient de corrélation	**0,878***	0,174	1,000
		Sig. (bilatéral)	**0,021**	0,742	.
		N	6	6	6

*. La corrélation est significative au niveau 0,05 (bilatéral).
Légende : NTOPM= Nombre total d'œufs pondus sur mil ; NTOPR= Nombre total d'œufs pondus sur riz.

Sig. = 0,904 > niveau de signification alpha = 0,05 ce qui induit qu'il n'y a pas de relation entre le nombre total d'œufs pondus sur mil et la longévité des mites femelles sur mil (tableau 26).

Tableau 26. Analyse des relations entre le nombre total d'œufs pondus sur mil, la longévité sur mil :

			NTOPM	Longévité sur mil
Rho de Spearman	NTOPM	Coefficient de corrélation	1,000	-0,051
		Sig. (bilatéral)	.	0,904
		N	8	8
	Longévité sur mil	Coefficient de corrélation	-0,051	1,000
		Sig. (bilatéral)	0,904	.
		N	8	8

II.2.3 Effet des zones agro-écologiques sur les paramètres de développement de *C. cephalonica*

Les temps d'incubation sont sensiblement égaux (4,71 ± 0,27 jours et 4,71 ± 0,99 jours) dans les deux zones et la différence entre les durées de développement des deux populations n'est pas significative (p-value = 0,2813 > 0,05).

L'analyse du tableau 27 révèle que les moyennes des durées des différents stades de développement de *C. cephalonica* sont plus élevées au niveau des pyrales issues du CBA. Nous pouvons parler donc d'un effet zone sur ces paramètres biologiques. La p-value calculée (< 0,0001) est inférieure au niveau de signification alpha = 0,05, ce qui induit que les durées ponte-

nymphes, nymphale, longévité et cycle total de pyrale entre les zones agro-écologiques sont très significativement différentes.

Tableau 27. Durées des différents stades de développement des femelles de la pyrale du riz en fonction des zones agro écologiques du centre du bassin arachidier et du delta du fleuve Sénégal sur les grains de mil

Variable	ZAE	Observations	Minimum	Maximum	Moyenne	Écart-type	P-value
durée ponte nymphe	DFS	11	17	26	21,3636	3,4430	< 0,0001
	CBA	11	57	61	58,9091	1,0445	
durée nymphale	DFS	11	10	13	11,2727	1,0090	< 0,0001
	CBA	11	14	30	22,1818	4,8542	
longévité adulte	DFS	11	4	6	4,6364	0,8090	< 0,0001
	CBA	11	8	14	9,9091	2,0715	
durée cycle total	DFS	11	34	42	37,2727	3,5802	< 0,0001
	CBA	11	80	98	91,0000	5,0398	

II.2.4 Étude biométrique de la pyrale du riz en fonction des zones agro-écologiques

La taille des pyrales évolue différemment selon la zone agro-écologique. La taille des femelles est supérieure à celle des mâles. La longueur des mites issues du DFS est supérieure à celle des mites du CBA tandis que la largeur des insectes du CBA est plus élevée que celle des pyrales du DFS (11 ± 0,87 mm de long et 2,36 ± 0,32 mm de large pour les femelles, 9,27 ± 0,75 mm de long et 2,12 ± 0,22 mm de large pour les mâles, pour les populations du delta du fleuve Sénégal ; 10,32 ± 0,64 mm de long et 2,82 ± 0,72 mm de large pour les femelles et 8,42 ± 0,64 mm de long et 2,31 ± 0,48 mm de large pour les mâles, des populations issues du centre du bassin arachidier).

L'analyse de la variance a révélé que les longueurs moyennes de l'insecte entre les zones agro-écologiques sont significativement différentes (p-value = 0,0136 < 0,05) (voir tableau 28).

Tableau 28. Analyse de la variance (Variable longueur (mm)) :

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	1	8,5939	8,5939	6,5465	**0,0136**
Erreur	50	65,6369	1,3127		
Total corrigé	51	74,2308			

Calculé contre le modèle Y=Moyenne(Y)

- Graphique des moyennes :

Le graphique des moyennes (figure 31) confirme que la moyenne de longueur des mites est plus élevée dans la zone du delta du fleuve Sénégal.

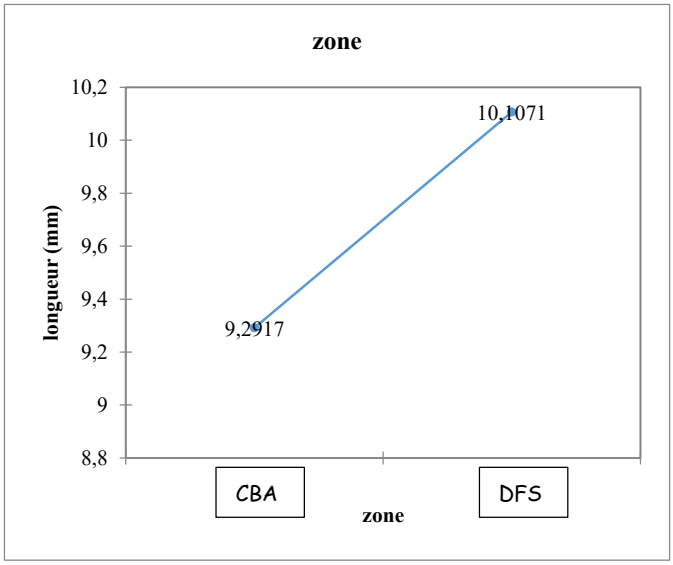


Figure 31. Moyenne des longueurs de la pyrale du riz en fonction des zones agro-écologiques

– Zone / Tukey (HSD) / Analyse des différences entre les tailles du papillon avec un intervalle de confiance à 95 % :

Le test de Tukey donne une p-value = 0,0136 < 0,05, ce qui confirme que la différence entre les longueurs moyennes de la teigne des grains secs dans les zones agro-écologiques et significative.

L'analyse de la variance montre que l'effet de la zone agro-écologique sur la largeur du papillon est significativement différent (p-value = 0,035 < 0,05) (voir tableau 29). Le graphique des moyennes confirme que la moyenne de largeur des mites est plus élevée dans la zone du centre du bassin arachidier (voir figure 32).

Tableau 29. Analyse de la variance (Variable largeur (mm)) :

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	1	1,0994	1,0994	4,6948	**0,0350**
Erreur	50	11,7083	0,2342		
Total corrigé	51	12,8077			

Calculé contre le modèle Y=Moyenne(Y)

– Graphiques des moyennes

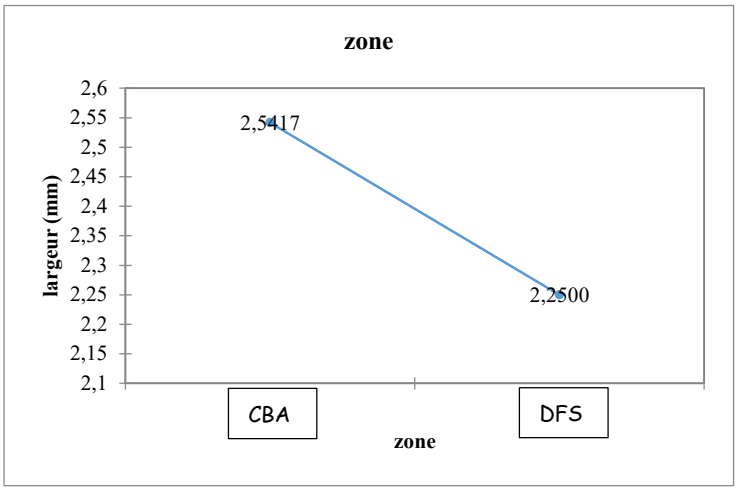


Figure 32. Moyenne des largeurs en fonction des zones agro-écologiques

– Zone / Tukey (HSD) / Analyse des différences entre les moyennes de largeur dans les zones agro-écologiques avec un intervalle de confiance à 95%

Les largeurs moyennes de l'insecte entre les zones agro-écologiques sont significativement différentes car elles appartiennent à deux groupes différents (tableau 31) et en plus la p-value = 0,035 < 0,05 (tableau 30).

Tableau 30. Synthèse pour tous les Y :

	longueur (mm)	largeur (mm)
R^2	0,1158	0,0858
F	6,5465	4,6948
Pr > F	**0,0136**	**0,0350**
zone	**6,5465**	**4,6948**
	0,0136	**0,0350**

Tableau 31. Synthèse (Moyenne estimée) - zone :

ZAE	longueur (mm)	largeur (mm)
CBA	9,2917	2,5417
DFS	10,1071	2,2500

La taille évolue différemment selon la zone d'origine de la pyrale du riz : les insectes de la zone du delta du fleuve Sénégal sont plus longs mais moins larges tandis que ceux du centre du bassin arachidier sont moins longs mais plus larges (figure 33). Ainsi la zone agro-écologique a un effet significativement différent sur la taille de *C. cephalonica.*

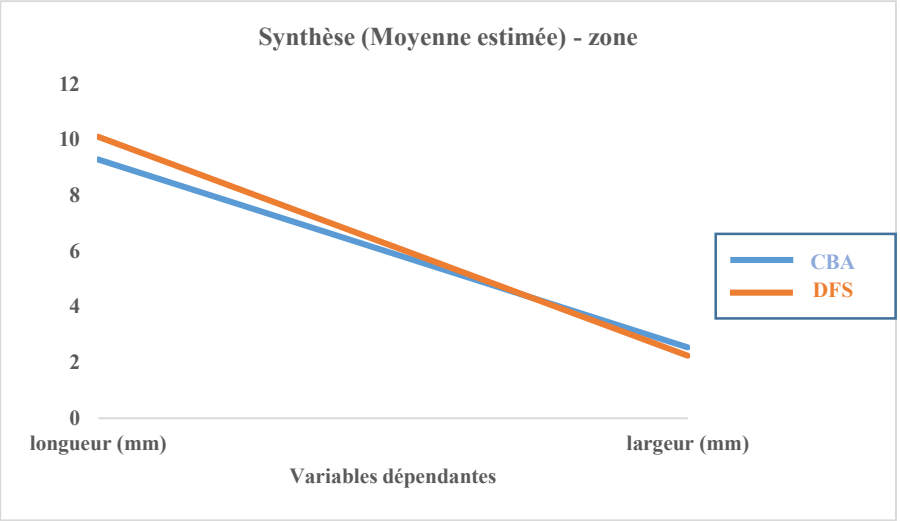


Figure 33. Moyenne des tailles en fonction des zones agro-écologiques.

II.2.5 Étude des paramètres de reproduction de la pyrale en fonction de la zone agro-écologique

Le nombre de pontes des mites féminines du centre du bassin arachidier est deux fois supérieur à celui des mites issues du delta du fleuve Sénégal, 6,5 ± 2,39 pontes et 3,25 ± 1,49 pontes respectivement, sur les grains de mil. La différence de moyenne entre les nombres de pontes dans les zones agro-écologiques est significative (p-value = 0,0142 < 0,05). La moyenne du nombre total d'œufs pondus par femelle est plus élevée avec les mites en provenance du delta du fleuve Sénégal (121,13 ± 71,69 œufs) que celles provenant du centre du bassin arachidier (86,75 ± 47,13 œufs). La différence de moyenne entre ces nombres totaux d'œufs pondus dans les zones agro-écologiques n'est pas significative (p-value = 0,43 > 0,05). Le pourcentage d'éclosion est plus élevé au niveau des populations provenant du delta du fleuve Sénégal (29,85 ± 14,55 %) que celles issues du centre du bassin arachidier (28,33 ± 7,53 %) mais leur différence de moyenne n'est pas significative (p-value = 1 > 0,05).

II.3 Discussion

L'objectif de ce travail est de déterminer l'effet des céréales (mil et riz) sur les paramètres de développement et de reproduction des populations de *Corcyra cephalonica* ravageur des grains secs des céréales en stockage au Sénégal.

Les résultats obtenus suite à nos travaux montrent que le type de céréale a un effet sur les paramètres biologiques de l'insecte. Le suivi des durées d'incubation des œufs des femelles issues des grains de mil et de riz a montré qu'elles étaient égales et leur différence de moyenne

n'était pas significative (p-value = 1 > 0,05). Ce qui nous permet de dire que le type de céréale utilisé n'a pas d'effet significatif sur le développement embryonnaire de la pyrale.

La durée moyenne entre l'émergence des larves et l'apparition des nymphes (durée larve-nymphe) de *C. cephalonica* était plus longue dans les grains de mil (54,1 ± 1,10 jours) que dans ceux du riz (38,30 ± 0,67 jours) avec une différence de moyenne très significative (p-value = 0,0001 < 0,05). Ce constat pourrait s'expliquer par la faible teneur en vitamine du mil par rapport au riz, qui offre en plus, deux sources d'énergie (glucides et protéines) assez importantes. La durée de développement larvaire trouvée dans le riz pour notre étude est proche de celle trouvée par (Ashwani Kumar et *al.,* 2002) qui est de 35 jours sur le riz et de (Mbata, 1989) qui a également déclaré une période de développement larvaire de 35,75 jours sur le riz. (Ayyar, 1934) a déterminé une période larve-nymphe de 57 jours sur le sorgho et 53 jours sur le riz, ce qui est légèrement plus long. Selon (Jagadish et *al*., 2009), la période larve-nymphe varie entre 28 et 36 jours avec une moyenne de 31,26 jours sur le mil, ce qui est légèrement plus court par rapport à la durée que nous avons obtenu sur les grains de mil.

Le suivi de la longévité nymphale a révélé les moyennes de 21,75 ± 5,60 jours et 10,63 ± 0,92 jours respectivement sur les grains de mil et ceux du riz avec une différence fortement significative (p-value = 0,0008 < 0,05). Cette différence serait liée à la qualité nutritionnelle du grain ayant servi au développement larvaire et la nature des réserves énergétiques nécessaires pour assurer la nymphose. D'après (Bhandari et *al.* 2014), la période de développement des nymphes n'a pas été significativement différente entre les différents aliments nourris à *C. cephalonica,* mais il existe une légère variation numérique. Selon eux, la durée maximale a été trouvée sur le riz (10,33 jours) suivie d'autres régimes alimentaires. Ce qui est en désaccord avec nos résultats. (Jagadish et *al*., 2009), trouvait une période nymphale qui variait entre 9 et 16 jours avec une moyenne de 13,06±0,86 jours pour les pyrales élevées sur les grains de mil. Selon (Bhubaneshwaridevi et *al.*, 2013), au début de la période pré-nymphale, la larve s'arrête, devient moins active, ne peut plus se déplacer rapidement et tisse un cocon blanc soyeux et très dur dans le grain. Selon eux, la nymphe est la transformation ultime de la pré-nymphe et une étape de non-alimentation. Les nymphes avaient un corps robuste et un abdomen progressivement effilé. La couleur du corps était brun foncé et la période nymphale variait de 9 à 19 jours. Ce qui se rapproche de nos résultats. La diminution progressive de leur abdomen serait due à l'utilisation des réserves énergétiques accumulées durant la période larvaire.

Par ailleurs, la durée de vie des adultes mâles est supérieure à celle des adultes femelles ; en plus la longévité est plus élevée sur le mil que sur le riz. La différence entre les longévités des

adultes était très significative (p-value = (< 0,0001) < niveau de signification alpha = 0,05). Selon (Andrewartha et Birch, 1954), la longévité des insectes était influencée par les composants de l'environnement, y compris la température, l'humidité et les aliments. Ce qui pourrait appuyer notre résultat.

D'autre part, la plus grande longévité de la mite masculine est de 21 jours lorsque leurs larves ont été élevées sur les grains de mil et de 11 jours pour celles élevées sur les grains de riz. Une tendance similaire à la longévité féminine a également été enregistrée en raison de la différence qualitative des céréales utilisées au cours de son développement. La plus grande longévité des mites femelles observée est de 14 jours lorsque les larves se sont développées sur les grains de mil tandis qu'elle est de 6 jours sur les grains de riz. Cette différence de longévité entre les mâles et les femelles pourrait être expliquée par l'activité de ponte des femelles qui nécessiterait plus d'énergie et du coup épuiserait plus rapidement les réserves des femelles fécondées ; ce qui n'est pas le cas des mâles qui, après la copulation, restent inactifs jusqu'à leur mort. Ces résultats sont similaires à ceux de (Nasrin et *al.* 2016) qui avaient obtenu pour les mites masculines un maximum de 7,7 jours lorsque leurs larves ont été cultivées sur du blé haché et 6,6 jours sur le grain de riz. (Ozpnar, 1997) avait obtenu pour la longévité des mites féminines un maximum de 7,2 jours lorsque les larves se sont développées sur le blé haché. Cette différence serait due probablement à la qualité nutritionnelle du grain de riz qui serait meilleure que celle du blé haché et du mil.

Le cycle de vie de la pyrale du riz dépend étroitement de la nature du grain de céréale utilisé comme substrat du milieu de culture. Nos résultats ont montré des durées de cycle de vie avec les moyennes de 92,94 ± 7,23 jours sur les grains de mil et 57,44 ± 4,15 jours sur les grains de riz. La différence entre ces durées était très significative (p-value = (< 0,0001) < niveau de significativité alpha = 0,05). (Devaraj et Mukherjee, 1966) rapportent que l'alimentation de meilleure qualité a augmenté la longévité des mites masculines et féminines, mais raccourcit la durée de vie totale de *C. cephalonica* lorsqu'ils ont élevé cette pyrale sur l'arachide et le sésame. Ils ont constaté que celle de l'arachide était supérieure à celle du sésame qualitativement. Durée de vie totale de 61,42 jours chez l'arachide tandis que 76,89 jours chez le sésame ont été enregistrés par eux. Leurs résultats sont en accords avec les nôtres en ce qui concerne la durée de vie totale de la teigne. Cependant, en ce concerne la longévité des mites masculines et féminines, nos résultats sont en désaccords. (Bhandari et *al.* 2014) rapporte une période de développement total qui était maximale dans le riz (57,98 jours). (Ashwani Kumar et *al.,* 2002) ont également rapporté des résultats similaires de 56,15 jours dans le riz et 45,82 jours dans le

sorgho. Leurs résultats sont similaires aux nôtres en ce qui concerne la durée du cycle de la pyrale sur les grains de riz, mais très différents pour celle de l'insecte sur les grains de mil.

L'étude biométrique des différents stades larvaires a révélé que l'insecte passe par 6 stades larvaires dans les grains. Ce résultat est corroboré par ceux de (Usman,1968) et (Jagadish et *al*., 2009), qui ont documenté le même nombre de stades larvaires. La taille de l'imago est significativement plus élevée sur les grains de mil (longueur : 10,23 ± 1,27 mm et largeur : 2,83 ± 0,71 mm) que sur ceux du riz (longueur : 8 ± 0,19 mm et largeur : 2,08 ± 0,19 mm). Ceci indique que les grains de mil, plus riches en protéines, augmenteraient la taille de *C. cephalonica*. Ainsi, la qualité nutritionnelle du grain a un soubassement sur la taille de la teigne des grains. En réalité, l'adulte ne s'alimente pas, sa taille dépendrait de la qualité et de la quantité de nutriments disponibles pour la larve. L'appareil buccal des larves de *C. cephalonica* est de type broyeur, ainsi les grains de mil seraient plus accessibles, donc plus de nutriments et de réserves pour les teignes, que ceux du riz qui sont plus durs. Ce qui expliquerait cette différence de taille du papillon selon le substrat alimentaire. D'autre part, le sexe féminin, la céréale mil ainsi que l'influence du sexe sur la céréale mil ont des effets positifs non significatifs sur la largeur de la pyrale ; le sexe féminin et l'influence du sexe féminin sur la céréale mil ont aussi des effets positifs non significatifs sur la longueur de *C. cephalonica.* Cependant, la céréale mil seule a un effet positif significatif sur la longueur de la pyrale. Un effet céréale et sexe significatif était aussi noté sur la longueur du papillon, cependant l'effet céréale en fonction du sexe sur la longueur du papillon a un effet non significatif. Pour la largeur du papillon, l'effet céréale est positif et très significatif, mais les effets du sexe et de l'action sexe*céréale étaient non significatifs.

De nos résultats obtenus en conditions contrôlées, le sex-ratio varie selon le substrat alimentaire utilisé. Il était en faveur des mâles sur les grains de mil et en faveur des femelles sur ceux du riz. La variation de ce ratio selon la céréale utilisée pour le développement de la pyrale aurait une conséquence sur le potentiel reproducteur de cette dernière et induirait un phénomène de compétition suivant la disponibilité des femelles ou des mâles. Dans cette même logique, le mode indique une fréquence plus élevée de la mite masculine (58,33 %) que pour la mite féminine (41,67 %) sur les grains de mil. Par contre ce mode est en faveur des mites féminines qui ont une fréquence de 54,55 % sur les mites masculines qui ont une fréquence de 45,45 % sur les grains de riz. Ce qui corrobore le résultat obtenu pour le sex-ratio et pourrait ouvrir d'autres pistes de recherches. Ainsi, le sex-ratio aussi est modulé en fonction du type de substrat alimentaire utilisé : les mâles préfèrent le mil et les femelles préfèrent le riz.

D'après nos résultats, le nombre de pontes ainsi que le nombre d'œufs pondus par les mites féminines sont très variables d'une céréale à une autre avec une différence de rang significative (p-value = 0,009 < 0,05 pour le nombre de pontes et 0,024 < 0,05 pour le nombre total d'œufs pondus). Ainsi il a été noté un minimum de 2 et un maximum de 9 pontes avec une moyenne de 6,5 ± 0,85 pontes sur les grains de mil ; un minimum de 2 pontes à un maximum de 3 pontes avec une moyenne de 2,33 ± 0,21 pontes sur les grains de riz. Jagadish et *al.*, (2009) ont signalé une période de ponte variant de 6 à 8 jours sur le mil. ce qui corrobore notre résultat obtenu sur le mil.

Le suivi du nombre total d'œufs pondus par femelle pour l'ensemble de ses pontes a révélé un minimum de 18 à un maximum de 157 œufs avec une moyenne de 86,75 ± 16,66 œufs sur les grains de mil ; un minimum de 5 à un maximum de 45 œufs avec une moyenne de 21,83 ± 6,98 œufs sur les grains de riz. La différence de rang entre les œufs pondus dans les grains est significative (p-value = 0,024 > 0,05). Une tendance similaire a été notée par Kumar et *al.*, (2002) qui ont rapporté respectivement 298 et 226 œufs sur le sorgho et le riz. Ces différences s'expliqueraient par les conditions environnementales (température et humidité de l'air entre autres), la nature et la qualité du grain ou la souche même de l'insecte. Benzalah, (2015) rapporte que la variation du nombre des œufs pondus dans chaque ponte dépend de l'âge et de la fertilité de la femelle ainsi que les conditions d'élevage telles que la température, la qualité et la quantité de la nourriture ingérée. Ce qui appuie les conclusions de cette présente étude.

Les résultats montrent aussi que le pourcentage d'éclosion de ces œufs issus de ces deux types de céréales est plus élevé avec les œufs des pyrales issues du riz que ceux provenant du mil. avec les moyennes respectives de 36,11 ± 30,73 % et 28,33 ± 7,33 % mais la différence de rang n'est pas significative (p-value = 1 > 0,05). Ce constat s'expliquerait aussi par la qualité nutritionnelle du grain. Le riz offrirait plus de vitamines et de sels minéraux que le mil, donc le riz serait qualitativement supérieur au mil. Cette variation du potentiel reproducteur en fonction de la nature du substrat alimentaire a été confirmée par les résultats obtenus par (Chaudhuri et Senapati, 2017 ; Kumar et Shenhmar, 2001).

Par ailleurs, il n'y a pas de relation entre le nombre de pontes et le nombre total d'œufs pondus sur mil (Sig. = 0,785 > 0,005), le nombre de pontes et le nombre total d'œufs pondus sur riz (Sig. = 0,188 > 0,05), le nombre total d'œufs pondus sur mil et la longévité des mites sur riz (Sig. = 0,589 > 0,05), le nombre total d'œufs pondus sur mil et le nombre total d'œufs pondus sur riz (Sig. = 0,742 > 0,05).

D'autre part, il y'a une forte corrélation entre le nombre total d'œufs pondus sur riz et la longévité des mites femelles sur riz (Sig. = 0,021 < 0,05 et Corrélation de Spearman = 0,878). La durée de vie du papillon semble donc avoir un effet positif sur le nombre d'œufs issus des femelles ayant accompli leur développement dans les grains de riz. Ce fait pourrait être lié à la qualité nutritionnelle du grain.

Selon l'origine géographique des céréales hôtes, les résultats révèlent, sur les grains de mil, que les durées d'incubation des œufs issus des populations des deux zones agro-écologiques sont sensiblement égales (4,71±0,27 jours pour les populations du DFS et 4,71 ± 0,99 jours pour celles du CBA) et leur différence est non significative (p-value = 0,2813 > 0,05). (Bhubaneshwaridevi et *al.*, 2013), rapportent que l'œuf fraîchement pondu était luisant, de couleur blanc nacré avec une surface sculptée irrégulière ayant de petites zones inégales divisées sur la surface. Les œufs étaient en forme de poire et doucement arrondis à l'extrémité et pointés à l'extrémité du pédicelle avec une teinte brunâtre. Selon eux, la durée de l'œuf variait de 4 à 7 jours. Leur résultat est en accord avec ceux de la présente étude. De plus, les durées de ponte-nymphe, de nymphe, de vie du papillon et de cycle total sont plus élevées chez les pyrales de la zone centrale du bassin arachidier que ceux des populations du delta du fleuve Sénégal avec une différence significative (p-value = < 0,0001 < 0,05). Nous pouvons ainsi dire que l'effet de la zone agro-écologique a un soubassement significatif sur les paramètres de développement de la pyrale. Cette différence serait induite par les conditions climatiques qui règnent dans les deux localités et qui sont sources d'adaptation locale de la pyrale du riz. Le transfert des populations de la zone de la vallée du fleuve à la zone du bassin arachidier où règnent des conditions climatiques différentes (température plus élevée entre autres), pourrait expliquer l'accélération du cycle de développement. (Ayyar, 1934) avait déterminé une période larve-nymphe de 57 jours sur le sorgho, ce qui corrobore le résultat sur la durée ponte-nymphe obtenu au niveau du CBA. Selon (Jagadish et *al*., 2009), la période larve-nymphe varie entre 28 et 36 jours avec une moyenne de 31,26 jours sur le mil ; ce qui est légèrement plus long que la durée ponte-nymphe trouvée au niveau des populations en provenance du delta du fleuve Sénégal. (Jagadish et *al*., 2009), trouvait une période nymphale qui variait entre 9 et 16 jours avec une moyenne de 13,06±0,86 jours pour les pyrales élevées sur les grains de mil ; ce qui est plus court pour les populations du centre du bassin arachidier et légèrement plus long pour celles du delta du fleuve Sénégal. Selon (Bhubaneshwaridevi et *al.*, 2013), la période nymphale variait de 9 à 19 jours. Ce qui se rapproche de nos résultats obtenus pour les deux zones agro écologiques (CBA et DFS). Ils rapportent aussi que les adultes étaient plus actifs à la tombée

de la nuit, les ailes postérieures sont chamois clair et l'aile antérieure était brun moyen ou brun grisâtre avec leurs lignes vague de couleur brun foncé le long des nervures des ailes. Le mâle était plus petit que la femelle. La période adulte mâle et femelle variait respectivement de 9-12 et 12-15 jours, ce qui confirme les résultats de cette présente étude pour les populations de l'insecte issues du centre du bassin arachidier et contredit les conclusions de de notre étude pour celles provenant du delta du fleuve Sénégal. (Kumar et *al*., 2007) ont également rapporté que la longévité des adultes variait de 1,5 ± 0,5 à 11,9 ± 1,3 jours pour les mâles et 1,5 ± 0,5 à 16,5 ± 1,2 jours pour les femelles, ce qui corrobore nos conclusions. (Kumar et *al.,* 2002) ont documenté une période de vie totale de l'insecte de 45,82 jours dans le sorgho, ce qui est plus cout pour les mites de la zone du centre du bassin arachidier mais légèrement plus élevé pour les populations du delta du fleuve Sénégal. (Chaudhuri et Senapati, 2017) ont rapporté que la durée moyenne d'une génération variait de 46,08 à 48,76 jours sur le mil, ce qui a été confirmé par (Jagdish et *al*., 2009) et (Pathak et *al*., 2010) et se rapproche du résultat obtenu pour les pyrales issues de la zone du delta du fleuve Sénégal.

D'autre part, la taille des pyrales femelles est supérieure à celle des pyrales mâles. La longueur des mites issues de la zone du delta du fleuve Sénégal est supérieure à celle des mites de la zone du centre du bassin arachidier ; cependant, la largeur des insectes évolue différemment. La différence de taille de l'insecte entre les deux zones agro-écologiques est significative. Ainsi, la taille évolue différemment selon la zone d'origine de la pyrale du riz : les insectes de la zone du delta du fleuve Sénégal sont plus longs mais moins larges tandis que ceux du centre du bassin arachidier sont moins longs mais plus larges avec des différences de moyennes significatives. Nous pouvons dire qu'il y a un effet zone sur la taille de *C. cephalonica* qui pourrait être inscrit sur le génome de cet insecte. (Bhubaneshwaridevi et *al.*, 2013), rapportent que la longueur du papillon mâle était de 10,75 mm et la largeur était de 5,27 mm. La longueur et la largeur du papillon femelle étaient respectivement de 12,24 et 5,21 mm. La température et l'humidité moyennes minimales, maximales étaient respectivement de 12,1 °C, 27,9 °C et 71,7%. Ce sont tous des paramètres similaires également rapportés par (Hemchandra et Singh, 2003). Leur résultat corrobore le nôtre pour la longueur du papillon et le dimorphisme sexuel et contredit les conclusions de cette présente étude en ce qui concerne la largeur de la pyrale.

De nos résultats, le nombre de pontes est plus élevé dans la zone du bassin arachidier (6,50 ± 2,39 pontes) que dans celle du delta du fleuve Sénégal (3,25 ± 1,49 pontes) avec une différence de moyenne significative (p-value = 0,0142 < 0,05). (Jagadish et *al.*, 2009) ont signalé une

période de ponte variant de 6 à 8 jours sur le mil. Leur résultat confirme celui des populations de zone du bassin arachidier mais contredit celui obtenu avec celles du delta du fleuve Sénégal.

Le nombre total moyen d'œufs pondus par femelle est plus élevé avec les papillons du delta du fleuve Sénégal (123,13 ± 71,69 œufs) qu'avec ceux de la zone du bassin arachidier (86,75 ± 47,13 œufs). La différence du nombre total d'œufs pondus par les femelles à partir des grains de mil entre les zones agro-écologiques n'est pas significativement différente (p-value. = 0,4306 > 0,05). (Kumar et *al.,* 2002) ont rapporté un nombre de 298 œufs sur le sorgho. Ce qui est largement plus élevée par rapport au nombre d'œufs obtenus dans cette étude. Ces différences s'expliqueraient par les conditions environnementales (température et humidité de l'air entre autres), la nature et la qualité du grain ou la souche même de l'insecte.

D'autre part, le pourcentage d'éclosion est plus élevé avec les populations issues du delta du fleuve Sénégal qu'avec celles provenant de la zone du centre du bassin arachidier avec une différence aussi non significative (p-value. = 1 > 0,05).

Conclusion

L'étude des paramètres de développement de la pyrale du riz nous a permis d'avoir une idée claire sur l'influence du type de substrat alimentaire sur les durées des différentes phases du cycle, la taille et le sex-ratio.

L'étude comparative entre les populations de *C. cephalonica* inféodées dans les céréales mil et riz montre que la durée moyenne du cycle de développement de cet insecte est plus longue dans les grains de mil que dans ceux du riz. Le degré d'infestation des grains entre ces deux céréales par *C. cephalonica* serait alors plus limité dans les grains de mil que dans ceux du riz car le nombre de générations est plus faible dans les grains de mil.

L'étude a révélé donc un effet céréale, un effet sexe et un effet d'influence du sexe sur la céréale sur les paramètres de développement de l'insecte. Notons que le type de substrat alimentaire a un effet significativement différent sur les paramètres : durée stade larvaire, durée nymphale, taille et longévité des adultes. L'hypothèse selon laquelle le substrat alimentaire aurait un soubassement les paramètres de développement de la pyrale peut être retenue.

De plus, le type de substrat alimentaire a un effet significativement différent sur les paramètres reproducteurs suivants : nombre de pontes, nombre total d'œufs pondus par les mites féminines, nombre total d'œufs pondus sur riz et la longévité des mites féminines sur riz. Cependant, le type de substrat alimentaire a un effet non significativement différent sur le pourcentage d'éclosion des œufs. L'hypothèse selon laquelle le substrat alimentaire aurait un soubassement

le potentiel reproducteur de la pyrale peut être aussi retenue. Ces nouvelles informations permettent d'identifier le meilleur support alimentaire pour l'élevage de la teigne, mais aussi une gestion intégrée des populations de *C. cephalonica* inféodées aux stocks de céréales afin de garantir une sécurité alimentaire et l'avancement de la recherche dans ce domaine.

De nos résultats, un effet zone significatif a été observé sur les durées des différentes phases de développement de l'insecte ainsi que sur la fécondité, ce qui est en faveur des populations de *C. cephalonica* provenant du centre du bassin arachidier. Cependant, cet effet n'est pas significatif sur le nombre total d'œufs pondus et le pourcentage d'éclosion des œufs qui sont plus élevés dans les populations du delta du fleuve Sénégal. Cette étude a également révélé un effet de zone significativement différent sur la taille de l'insecte. Cette étude a donc fourni de nouvelles informations sur la bio-écologie de *C. cephalonica*, son comportement vis-à-vis des zones agro-écologiques au centre du bassin arachidier et du delta du fleuve Sénégal. L'hypothèse selon laquelle les zones agro-écologiques auraient un soubassement les paramètres bio-écologiques de la pyrale peut être retenue. Ces données permettront sans doute une meilleure gestion des populations de cet insecte ravageur des aliments stockés, y compris les conditions agro-écologiques des écosystèmes.

Les effets zone et substrat alimentaire seraient-ils liés à une structuration génétique différente des populations de *C. cephalonica* ?

CHAPITRE III. Caractérisation génétique des populations de *C. cephalonica* en fonction du type de substrat alimentaire (mil et riz) et de deux zones agro-écologiques du Sénégal

CHAPITRE III. Caractérisation génétique des populations de *C. cephalonica* en fonction du type de substrat alimentaire (mil et riz) et de deux zones agro-écologiques du Sénégal.

Résumé

Le mil et le riz sont deux céréales qui occupent une place de choix dans le quotidien alimentaire sénégalais. Leur stockage pose un réel problème à cause des insectes qui les déprécient occasionnant d'énormes pertes quantitatives et qualitatives. Le lépidoptère Pyralidae *C. cephalonica* est l'un de ces ravageurs. Cette étude a pour objectif de caractériser génétiquement des populations de *C. cephalonica* sur les stocks de mil et de riz dans le centre du bassin arachidier et dans le delta du fleuve Sénégal à l'aide du gène Cytochrome b pour voir si le milieu et le substrat alimentaire ont un effet sur la structuration génétique de ces populations (aspects biotype et écotype). Nous avons séquencé une portion du cytochrome b par la méthode NGS après extraction et amplification par PCR. Les analyses génétiques (variabilité et indices de diversité génétiques, structure génétique des populations, l'évolution démographique et l'approche phylogénétique) ont révélé une grande diversité génétique dans la population globale avec la présence de soixante-treize (73) haplotypes pour quatre-vingt-onze (91) séquences. Les populations de *C. cephalonica* seraient issues d'une population ancestrale stable (diversités haplotypique et nucléotidique fortes et D de Tajima non significatif). Les inférences de l'AMOVA et les arbres phylogénétiques ont montré qu'il y a une différenciation génétique significative en fonction du milieu et en fonction du support alimentaire entre les populations de la pyrale.

Mots clés : *C. cephalonica*, caractérisation génétique, mil, riz, centre du bassin arachidier, delta du fleuve Sénégal, gène cytochrome b, biotype, écotype.

Abstract

Millet and rice are two cereals that are important in the Senegalese daily life diet. Their storage encounters a real problem because of insects which attack them and cause heavy quantitative and qualitative losses. The lepidopteran Pyralidae *C. cephalonica* is one of these depreciators. This study aims to characterize genetically *C. cephalonica* populations on millet and rice stocks in the groundnut basin center and in the Senegal River delta with the aid of Cytochrome b gene in order to show if the environment and the type of food substrate have an effect on the genetic structuration of the *C. cephalonica* populations (biotype and ecotype aspects). We've sequenced a fragment of cytochrome b by the next generation sequencing method (NGS) after extraction and amplification via PCR. Genetic analyzes (variability and genetic diversity indices, genetic structure of populations, demographic evolution and phylogenetic approach) revealed great genetic diversity in the overall population with the presence of seventy-three (73) haplotypes for four- twenty-one (91) sequences. The populations of *C. cephalonica* would come from a stable ancestral population (strong haplotypic and nucleotide diversity and Tajima D not significant). The inferences from AMOVA and phylogenetic trees have shown that there is significant genetic differentiation depending on the environment and on the food support between populations of the European corn borer.

Keywords: *C. cephalonica*, genetic characterization, millet, rice, groundnut basin center, Senegal River delta, cytochrome b gene, biotype, ecotype.

Introduction

La connaissance de la distribution spatiale et temporelle de la variabilité génétique au sein et entre les populations constitue une des étapes cruciales dans l'établissement de stratégies de gestion des populations naturelles. En effet, la valeur adaptative ou fitness d'un caractère, d'un individu, d'une population voire d'une espèce serait tributaire de la variabilité génétique. Elle est perçue comme une garantie qui permettrait l'adaptation et la pérennité des populations dans leurs environnements changeants (Lacy, 1987 ; Luck et *al.*, 2003 ; Duminil, 2006 ; Montaigne, 2011 ; Greenbaum et *al.*, 2014 ; Ndiaye, 2018) La caractérisation de cette composante temporelle par l'établissement de l'histoire évolutive des relations génétiques entre populations/lignées se fait en décrivant leurs liens de parenté au cours de l'évolution grâce à la phylogénie. Ceci permet de connaitre leurs patrons historiques et d'établir des hypothèses sur les causes évolutives possibles ayant engendré la dynamique de la diversité observée (composante spatiale) car la structuration actuelle des populations résulte d'événements du passé (Grivet, 2002 ; Cyr, 2012). Ceci permettrait de mieux appréhender les mécanismes de cette évolution. En outre, l'étude des principes et processus qui gouvernent la distribution géographique de ces lignées généalogiques (lignées génétiques) est l'objet de la phylogéographie (Avise, 2000 ; 2004). Cette dernière intègre des informations géographiques et génétiques afin d'inférer l'histoire démographique et les processus évolutifs des espèces. Elle s'intéresse aux phénomènes génétiques et démographiques ayant conduit à la distribution et à la structuration actuelle des populations. A partir de là, elle tente de reconstruire des scénarios évolutifs prenant en compte les événements climatiques, géologiques et environnementaux ayant jalonné l'histoire des régions concernées. Selon Beaumont (2010), grâce aux progrès récents dans les techniques de séquençage de l'ADN, l'analyse phylogéographique de la variation moléculaire est devenue une approche de plus en plus importante pour trouver des indices d'interaction entre les facteurs écologiques, la dispersion et l'évolution moléculaire.

Les lépidoptères sont le deuxième ordre en importance après les coléoptères dans Insecta et comprennent les papillons de nuit. La plupart d'entre eux sont des ravageurs agricoles et forestiers, des pollinisateurs et des insectes ressources (Li et *al.,* 2010 ; Wu et *al.*, 2012). *Corcyra cephalonica* Stainton (Lepidoptera : Pyralidae) appartient à une petite sous-famille de Galleriinae avec 261 espèces de Pyralidae, qui contient plus de 330 espèces de 70 genres (Heppner, 1991 ; Wu et *al.*, 2012) Le genre *Corcyra* ne contient que deux espèces, *C. nidicolella* et *C. cephalonica* ; ce dernier est connu pour être un ravageur des produits stockés et est contrôlé avec des insecticides botaniques et piégé avec des phéromones sexuelles

(Türkera, 1998 ; Allotey et Azalekor, 2000 ; Coelho et *al*. 2007 ; Wu et *al.*, 2012). De plus, il est récemment utilisé comme insecte modèle expérimental. Un groupe de gènes fonctionnels a été identifié (Nagamanju et *al.,* 2003 ; Chaitanya et Dutta-Gupta, 2010 ; Damara et *al.,* 2010 ; Gullipalli et *al.* 2010), mais les informations concernant le génome mitochondrial font défaut. Selon Wu et *al.*, (2012), jusqu'à présent, il existe quatre espèces au sein des Pyraloidea avec un mitogénome connu : *Diatraea saccharalis* (Li et *al.* 2010), *Ostrinia furnacalis* et *O. nubilalis* (Coates et *al.* 2005), et *Chilo suppressalis* [non publié, JF339041].

Ainsi, pour mieux lutter contre les ravageurs des stocks notamment *C. cephalonica*, une meilleure connaissance de la biologie et de la génétique de ses populations est primordiale. La pyrale est rencontrée dans différentes lieux de stockage (grenier, magasins de l'état, des producteurs et des commerçants etc.) situés dans différentes zones agro-écologiques. Au Sénégal, l'insecte attaque un grand nombre de denrée alimentaire particulièrement les céréales et leur produit transformés. On se pose la question de savoir comment s'effectue l'évolution démographique des populations de *C. cephalonica* et quel serait l'effet des grains de mil et de riz et des zones agro-écologiques sur la structuration génétique de cet insecte ? Pour répondre à cette question, des approches de génétique des populations ont été appliquées et des marqueurs moléculaires ont été utilisés pour caractériser les populations de *C. cephalonica* en fonction du type de substrat alimentaire et de deux zones agro-écologiques du Sénégal, afin d'établir s'il existe, une structuration génétique entre ces grains d'une part, et entre les zones agro-écologiques, d'autre part.

III.1 Matériel et méthodes

III.1.1 Échantillonnage

L'échantillonnage a eu lieu dans les lieux de stockage de deux zones agro-écologiques du Sénégal. Les échantillons de mil et de riz ont été prélevés au niveau du centre du bassin arachidier dans une station de conditionnement des semences située à 14° 39' 4,5'' N ; 16° 15' 19,36'' W appartenant à la zone Sahélo-Soudanienne (SAS) et dans le delta du fleuve Sénégal, chez les producteurs et commerçants locaux, à Ross Béthio dans le département de Dagana de coordonnées géographiques suivantes : 16° 16' 41,95'' N ; 16° 8' 38,55'' W appartenant à la zone sahélienne. La méthode d'échantillonnage utilisée ici est la même quel que soit le lieu de stockage. Elle consiste à prélever dans chaque lieu de stockage, de façon aléatoire, cinq kilogrammes (5 Kg) de grains de mil et de riz. Ensuite, les échantillons sont emballés dans des sachets en plastique et ramenés au laboratoire.

Un élevage de masse a été mis en place. Il a été effectué au laboratoire en utilisant les échantillons de mil et de riz. En effet, les céréales récoltées ont été mises dans des bocaux d'élevage placés dans une chambre à ambiances contrôlées jusqu'à l'émergence des adultes. Ces derniers ont été récoltés à l'aide d'un tube à essai et conservés dans l'alcool à 90°C.

Les échantillons ont été codés selon trois critères : l'espèce étudiée, le type de substrat alimentaire et l'origine géographique ; en utilisant en majuscule, la première lettre du substrat alimentaire, la première lettre du nom de genre de l'insecte et les deux dernières lettres du mot abrégé de la zone agro-écologique (voir tableau 32).

Tableau 32. Liste des échantillons de mil et de riz, infestés par *C. cephalonica,* par zone agro-écologique et acronymes associés.

Z.A.E	Coordonnées géographiques	SA	Codes	TIS	NIE
(CBA)	14° 39' 4,50'' N ; 16° 15' 19,36'' W	Mil	MCBA	Magasin de l'état	22
		Riz	RCBA		26
(DFS)	16° 16' 41,95'' N ; 16° 8' 38,55'' W	Mil	MCFS	Magasins du producteur	19
		Riz	RCFS		24

Légende : Z.A.E = Zone Agro-Écologique ; CBA = Centre du Bassin Arachidier ; DFS = Delta du Fleuve Sénégal ; MCBA = Mil *Corcyra* du Bassin Arachidier ; MCFS = Mil *Corcyra* du fleuve Sénégal ; RCBA = Riz *Corcyra* du Bassin Arachidier ; RCFS = Riz *Corcyra* du fleuve Sénégal ; TIS = Type d'infrastructure de stockage ; NIE = Nombre d'individus échantillonnés ; SA = Substrat alimentaire.

III.1.2 Choix du gène Cytochrome b (Cyt-b)

Le cytochrome b est une région de l'ADN mitochondrial très souvent utilisée pour ses caractéristiques particulières. Le choisir comme marqueur pour la caractérisation génétique des populations de *C. cephalonica* sur le mil et le riz n'est pas fortuit. L'ADN mitochondrial est présent en multiples exemplaires dans le cytoplasme des cellules mais sous forme haploïde à la différence de l'ADN nucléaire (Galtier *et* al., 2009). Sa reproduction n'intervient pas de recombinaison homologue et alors l'ADNmt est un marqueur particulièrement adapté aux études de filiation génétique chez les animaux. En raison d'un taux de mutation relativement élevé, l'ADNmt a été largement utilisé comme marqueur phylogénétique. Le cytochrome b est utilisé pour déterminer les relations phylogénétiques du fait de sa faible variabilité de séquence. En théorie, l'effectif efficace de reproduction pour le cytochrome b est faible ; ce qui le rend plus sensible aux stress tels que les goulots d'étranglement, la dérive génétique et l'effet fondateur par essaimage (Dia, 2013). Il est plus facile à aligner entre les espèces car ne présentant pas de gaps et plus facile à utiliser pour estimer la divergence des dates entre les taxons.

III.1.3 Étude génétique

III.1.3.1 Extraction de l'ADN génomique de *C. cephalonica*

Une caractérisation génétique de la pyrale du riz ne peut se faire sans d'abord la disséquer et extraire de manière circonspecte son ADN génomique. D'abord *C. cephalonica* est disséqué et son abdomen est éliminé. Seuls sa tête, son thorax et ses pattes sont utilisés dans l'extraction. Ces éléments sont broyés et placés dans des tubes de 1,5ml. L'extraction s'est faite en utilisant le kit DNeasy Tissue (Qiagen Inc.) et son protocole standard d'extraction d'ADN s'est déroulée en 4 étapes :

- L'étape de digestion au cours de laquelle 180µl de tampon de digestion ATL et 20µl de protéase K sont mis le tube contenant le broyant pour rompre les liaisons entre les tissus et individualiser les cellules après incubation à 55°C pendant 3h. Le mélange, après incubation, est centrifugé à 13000 rpm (rotation par minute) durant une minute. Les débris tissulaires sont ensuite éliminés et le surnageant est récupéré dans un autre tube.

- L'étape de lyse cellulaire qui consiste à rompre les membranes cytoplasmique, nucléaire et celle des autres organites cellulaires pour la libération de l'ADN. Pour ce faire, 200 µl de tampon de lyse cellulaire AL sont ajoutés au surnageant au préalable prélevé. Cette solution est ensuite vortexée, puis incubée dans un bain marie à 70° pendant 10 minutes.

- L'étape de purification qui aboutit à la formation d'un précipité isolant les molécules d'ADN des contaminants (protéines, membranes, tampons, etc.). 200 µl d'éthanol 96-100% sont ajoutés suivis d'une légère agitation du mélange pendant un bref délai entrainant la formation d'un culot au fond de chaque tube et la libération d'un subsistant liquide. Lequel liquide prélevé et simultanément placé dans un tube collecteur à colonne de silice de 2ml portant le code de l'échantillon. Ce tube est ensuite centrifugé à 13000 rpm pendant une minute. Après centrifugation, sous interaction ionique, les molécules d'ADN chargées négativement sont retenues au niveau de la membrane de silice chargée positivement et le reste de cette solution (protéines, lipides, polysaccharides) traverse la membrane et précipite au fond du tube collecteur qui est jeté. On replace enfin chaque colonne dans un nouveau tube collecteur de 1,5ml. Un toilettage purificatoire de l'ADN s'en suit par l'utilisation de deux tampons de lavage AW1 et AW2. Primo, 500µl de AW1 sont versés dans la colonne et le mélange obtenu est centrifugé à 13000 rpm pendant une minute. Après centrifugation, 500µl de AW2 sont secundo ajoutés et le mélange est centrifugé à 13000 rpm pendant trois

minutes. Durant cette dernière centrifugation, les deux tampons précipitent avec les contaminants au fond des tubes collecteurs qui sont jetés.

– L'étape de l'élution de l'ADN au cours de laquelle, les colonnes contenant l'ADN purifié sont replacées sur d'autres tubes de 1,5ml. 50µl du tampon AE (fourni par le kit Qiagen) préalablement incubé à 70° sont directement versés sur la membrane de silice pour décrocher l'ADN de cette dernière. L'incubation du tampon AE à 70°C augmente le rendement d'extraction de 15 à 20%. L'ADN, une fois récupéré, est conservé à -20°C.

III.1.3.2 PCR du cytochrome b

La PCR est une amplification in vitro d'un gène ou d'un fragment d'ADN spécifique à l'aide d'un thermocycleur. L'amplification a été réalisée dans un volume réactionnel de 25 µl contenant 18,3 µl d'eau, 2,5 µl de tampon de 10x, 1 µl de $MgCl_2$ supplémentaire, 0,5µl de dNTP, 0,25 µl de chaque amorce, 0,2 µl de Taq polymérase et 2 µl d'extrait d'ADN. C'est une répétition de cycles qui assure une multiplication par 2 de l'ADN cible à chaque cycle. C'est un processus qui comprend trois étapes : la dénaturation initiale à 94°C pendant trois minutes, suivie de 35 cycles de dénaturation à 94°C pendant une minute ; l'hybridation à 47°C pendant une minute caractérisée par l'accrochage des amorces et finalement l'élongation à 72° pendant 10 minutes. Ces étapes ainsi énumérées constituent en réalité un cycle et assurent une multiplication x2 du segment d'ADN cible (le gène Cyt-b). La technique de la PCR repose éventuellement sur la répétition plusieurs fois d'un même cycle : 35 cycles dans cet exercice, soit une amplification du gène 2^{35} fois. Les amorces CB1 (5'-TAT GTA CTA CCA TGA GGA CAA ATA TC-3') et CB2 (5'-ATT ACA CCT CCT AAT TTA TTA GGA AT-3') ont été utilisés pour l'amplification du gène du cytochrome b.

III.1.3.3 Séquençage du gène cytochrome b selon la NGS (Cf. Chapitre I)

Les étapes de purification des produits PCR et de séquençage du gène du cytochrome b ont été réalisées avec les NGS. Le séquençage a été réalisé à l'INRA avec le séquenceur NGS Illumina HiSeq X qui utilise la méthode de séquençage par synthèse. Elle consiste à déterminer la succession nucléotidique d'un fragment d'ADN. En effet, le séquençage met en évidence des mutations ponctuelles par comparaison des séquences d'un même gène chez différents individus. Les technologies NGS d'Illumina comprennent trois étapes communes :

– La préparation des librairies qui consiste à créer des banques en utilisant une fragmentation aléatoire de l'ADN suivie de liaison avec de petites séquences spécifiques. Ces banques sont ensuite amplifiées grâce à des méthodes d'amplification clonale et de PCR

pour enrichir la bibliothèque de fragments et augmenter la quantité d'ADN avant séquençage,

- Les cycles de réactions de séquençage,
- Le séquençage qui consiste à une prise d'image après chacun de ces cycles pour déterminer le nucléotide correspondant.

III.1.4 Analyses génétiques

III.1.4.1 Variabilité génétique

Sous l'influence, de forces évolutives telles : les mutations, la sélection naturelle, la dérive génétique et les migrations, de forces écologiques telles : le système de reproduction, sex-ratio, démographie, distance géographique, etc., ou de facteurs bioclimatiques et anthropiques, une diversité génétique est née et continue d'évoluer. Ainsi, à travers le Cyt. b, différents paramètres ont été déterminés pour explorer la variabilité génétique dans cette étude. Ce sont le nombre de sites polymorphes informatifs (S_{PI}), le nombre de sites singletons (S_S), le nombre moyen de différences nucléotidiques (K), le nombre d'haplotype total (H_T), et le nombre d'haplotype unique (H_U). Ces paramètres ont été sortis d'abord en fonction du support alimentaire intra et inter-milieu, puis en fonction de la zone agro-écologique pour une vue meilleure comparative de la diversité génétique d'une population à l'autre.

De prime abord, le jeu de données a été soumis à un blast à la banque de données Genbank pour vérifier si réellement nos séquences correspondent à celles de l'espèce dont nous nous sommes supposés travailler. Les séquences ont été ensuite nettoyées manuellement et alignées à travers l'algorithme Clustal-W puis minutieusement corrigées avec le logiciel BioEdit 5.0.6 (Hall, 2001).

III.1.4.2 Indices de diversité génétiques : Pi et Hd et leurs écart-types

Ces deux paramètres vont ensembles pour nous renseigner sur l'évolution de la population à partir de laquelle nos échantillons sont issus. En exploitant Pi et Hd, nous saurons s'il s'agit d'une convergence adaptative ou d'une radiation adaptative.

- Pi ou diversité nucléotidique définit la probabilité selon laquelle deux sites nucléotidiques homologues pris au hasard soient différents (Nei, 1987). En deçà de 10%, la diversité nucléotidique est faible et nulle à 0 alors qu'à plus de 10% la divergence est profonde (Orémus *et al.*, 2011).

– Hd ou diversité haplotypique définit la probabilité selon laquelle deux haplotypes tirés au hasard dans un échantillon soient semblables (Nei, 1987). Contrairement à Pi, à 100, la diversité haplotypique est nulle et pas de divergence.

La Pi et la Hd ont été déterminées à l'aide du logiciel DnaSP v5.10.01 (Librado & Rozas, 2009 ; Rozas et Librado, 2010). Ces deux paramètres ont été combinés pour nous renseigner sur l'histoire des populations de provenance de nos échantillons en prélude des analyses d'évolution démographique.

– À Hd faible (<50%) et Pi faible (<0,5%), nous attendons à une population ancestrale qui a drastiquement diminué aboutissant à un bottleneck récent avec un effet fondateur ;

– À Hd fort (>50%) et Pi fort (>0,5%), la population de provenance est stable avec une longue histoire évolutive ; ce qui peut être le résultat d'un second contact entre lignées préalablement différenciées ;

– À Hd fort (>50%) et Pi faible (<0,5%), la population de provenance a subi un bottleneck suivi d'une croissance démographique rapide et une accumulation de mutations ;

– À Hd faible (<50%) et Pi fort (>0,5%), la population de provenance est vaste et a subi un bottleneck éphémère avec une différence entre échantillons géographiquement subdivisés (aspect relief, climat, etc.) (Grant et *al.,* 1998).

III.1.4.3 Structure génétique des populations : différenciation génétique et variance moléculaire

Pour la différenciation génétique, seule la distance génétique D de Nei (1987) a été déterminée au détriment du F_{ST} car ce dernier est plus approprié aux loci qu'aux séquences. Malgré ses limites, nous ne pouvons nous passer du F_{ST} dans l'AMOVA. La distance génétique D de Nei (1987) est la méthode utilisée du fait du fort taux de mutations du Cyt-b. Elle a été déterminée pour mesurer le degré de filiation qui existe entre individus en fonction des différences constatées entre les séquences de nucléotides homologues. Ses valeurs intra et inter-populations, en fonction du support alimentaire intra et inter-milieu, et en fonction du milieu, ont été générées grâce au logiciel MEGA v7.0.14 (Tamura et *al.*, 2016) avec le modèle Kimura-2-P pour prendre en compte la non équiprobabilité des transitions et des transversions de l'ADN mitochondrial. L'effet de la distance sur la structuration génétique des populations de *C. cephalonica* a été testé en réalisant une régression pour examiner l'isolement par la distance ou IBD (Isolement By Distance ; Wright, 1943). Cette régression a été réalisée grâce au logiciel R v1.1.447.

La structuration génétique a aussi été évaluée par une analyse moléculaire AMOVA (Analysis of MOlecular VAriance) (Excoffier *et al.,* 1992) pour déceler la source de variance au niveau moléculaire. AMOVA estime les indices de structure génétique en utilisant les informations sur le contenu allélique des haplotypes ainsi que leurs fréquences (Excoffier *et al.,* 1992). Cette variance moléculaire entre les différentes sources de variation a été computée grâce au programme ARLEQUIN v3.1 (Excoffier, 2006). L'index de fixation F_{ST} qui exprime la diminution de l'hétérozygotie liée à la divergence entre la sous-population et la population totale a été déterminé. $F_{ST} = (HT – HS) / HT$. Cet index est donc utilisé comme index de différentiation génétique entre les sous-populations (Wright, 1969 ; Weir & Cockerham, 1984). Si le F_{ST} est égal ou très proche de 0, cela signifie qu'il y a de nombreux échanges génétiques entre les populations (peu de différenciation génétique, population panmictique). A l'inverse, si le F_{ST} est proche de 1, cela se traduit par une forte différenciation génétique entre les populations, suggérant très peu voire aucun flux de gènes entre les populations. D'après Wright (1978), un F_{ST} compris entre 0 et 0.05 révèle une différenciation faible ; un F_{ST} compris entre 0.05 et 0.15 traduit une différenciation modérée ; un F_{ST} entre 0.15 et 0.25 suggère une différenciation importante et au-delà de 0.25, le F_{ST} illustre une différenciation très importante.

III.1.4.4 Évolution démographique

Pour retracer l'histoire démographique, d'abord, des tests démogénétiques ont été effectués à travers les statistiques *D* de Tajima (Tajima, 1989) et *Fs* de Fu (Fu, 1997) à l'aide du logiciel ARLEQUIN v3.1 (Excoffier *et al.,* 2006). La visée de ces tests est de distinguer les séquences qui évoluent selon un modèle évolutif neutre de celles qui évoluent selon un processus déterministe. Les valeurs de ces deux statistiques significativement positives ou négatives traduisent respectivement une population subissant un goulot d'étranglements et une population en expansion démographique tandis qu'en cas de non significativité, des mutations neutres s'accumulent traduisant une population en équilibre démographique. Enfin, des valeurs de *D* de Tajima et de F_S de Fu nulles, suggèrent une population de taille constante.

En guise de complément, R^2 de Ramos-Onsins et Rosas (Ramos-Onsins et Rozas, 2002) a été computée avec le programme ARLEQUIN v3.1 (Excoffier *et al.,* 2006). C'est une statistique basée sur la différence entre le nombre singleton et le nombre moyen de différences nucléotidiques.

Nous avons ensuite fait l'analyse de la Pairwise difference (Mismatch distribution), qui est la représentation graphique de la distribution de distances génétiques existant entre les individus d'une population pris deux à deux. L'analyse de Mismatch associe deux indices qui testent la

qualité d'ajustement de la distribution. Ces indices sont la SSD (somme de carrées des déviations) et le Rag (indice d'irrégularité). Les courbes de Mismatch ont été obtenues par le logiciel DnaSP v5.10.01 (Librado & Rozas, 2009 ; Rozas et Librado, 2010) et les indices SSD et Rag ont été exécutés avec le programme ARLEQUIN v3.1 (Excoffier *et al.,* 2006). Une courbe de Mismatch multimodale traduit une population stable et lorsque la courbe est unimodale la population est en expansion démographique (Rogers & Harpending, 1992).

III.1.4.5 Approche phylogénétique

L'approche phylogénétique permet de renseigner sur les relations de parenté qui existent entre les différentes populations de *C. cephalonica*. D'abord, pour explorer les relations phylogénétiques, un réseau d'haplotypes a été construit à l'aide du programme Network v5.0.0.0 (Bandelt *et al.,* 1999) afin de chercher les associations entre haplotypes. Ensuite, pour les arbres phylogénétiques, nous avons choisi la méthode de distances du Neighbor-Joining. L'arbre par méthode de distances a alors été construit via le logiciel MEGA 5 (Tamura *et al.,* 2011) en utilisant comme modèle Kimura-2-P qui postule que les transitions et les transversions ne sont pas équiprobables lors de l'évolution des séquences, notamment pour l'ADN mitochondrial où les transitions peuvent représenter 90% des mutations (Kimura, 1980 *in* Ndiaye, 2018) et la méthode du bootstrapping a été calée sur 1000 réplications.

Par ailleurs, en méthodes probabilistes, il est beaucoup plus pertinent d'inférer avec la méthode bayésienne (Inférence bayésienne, IB) malgré sa tendance à fréquemment surestimer les soutiens bayésiens car, la méthode du maximum de vraisemblance n'évalue pas tous les arbres possibles car ils sont nombreux ; la vraisemblance ne donne alors qu'une exploration partielle de l'ensemble des arbres réalisés. L'AIC (Akaike Information Criterion) le plus petit a été utilisé pour retenir le meilleur modèle évolutif ; la matrice de substitutions GTR+une G (Gamma Time Reversible + G) : si le taux de substitution change souvent d'un site à un autre à l'intérieur d'une séquence, une loi G et si les sites restent invariables, une loi I. Cet indice AIC est déterminé par le logiciel Jmodeltest v2.1.7 (Darriba *et al.,* 2012) pour l'inférence bayésienne. L'arbre bayésien est construit grâce au logiciel MrBayes (Huelsenbeck and Ronquist, 2001). La distribution des probabilités postérieures des arbres a été estimée par 4 chaînes MCMC (dont trois ont été « chauffées » de façon graduelle et une froide). 1.100.000 générations ont été réalisées pour chacune des chaînes en échantillonnant les différents paramètres toutes les 1.000 générations et la période d'allumage peut-être déterminée en examinant, pendant le parcours de la chaîne « froide », l'évolution de la fonction de vraisemblance car les générations réalisées pendant la période d'allumage sont éliminées des

analyses. Alors, de manière conservative, les 275000 premières générations ont été éliminées (25%) et les inférences sont alors réalisées sur les 825000 générations suivantes. Les deux (02) constructions ont toutes été enracinées avec une séquence consensus de l'espèce *Sitotroga cerealella* comme outgroup.

III.2 RESULTATS

III.2.1 Variabilité génétique du Cyt-b

Les mitogénomes animaux sont généralement des molécules circulaires fermées de 14 à 20 kb de longueur avec 37 gènes, 13 gènes codant pour les protéines (PCG), 22 ARN de transfert (ARNt) et deux ARN ribosomaux (ARNr). Elle contient également une zone non codante riche en A + T (également appelée région de contrôle) chargée de réguler la transcription et la réplication du mitogénome (Boore, 1999 ; Taanman, 1999).

Le mitogénome de *Corcyra* est une molécule circulaire de 15 273 pb de longueur ; les données ont été téléchargées sur Genbank (HQ897685). Le mitogénome de *Corcyra* a montré le complément génétique standard contenant 13 PCG (protein-coding gene), 2 ARNr, 22 ARNt et des régions non codantes typiques pour les lépidoptères (Wu et *al.*, 2012).

Le gène du cytochrome b a une longueur 1143 nucléotides, situé entre 10489 et 11631 pb du mitogénome de *C. cephalonica* (HQ897685.1 Position : 10,956 ; Position du gène : 468 ; télécharger sur Genbank). La région du cytochrome b constituée de *730 pb* a été séquencée. Quatre-vingt-onze (91) séquences de Cyt-b formées par quatre populations constituent le jeu de données à analyser. Chaque séquence comporte 730 paires de bases (pb). Dans la population globale, il y a : 73 haplotypes, 652 (89,32%) sites invariables, 78 (10,68%) sites polymorphes dont 57 (73%) sites informatifs en parcimonie et 21 (27%) sites singletons. Le nombre de différences nucléotidiques est élevé en fonction du substrat alimentaire mais ne montre pas une différence significative entre le mil et le riz. Par contre, en fonction du milieu, ce nombre K est faible mais révèle une nette différence entre les populations de la pyrale du CBA et du DFS. Tous les haplotypes du DFS sont uniques (Tableau 33).

Les sites variables singletons (deux variantes) (21*)* sont situés en position 29, 49, 100, 145, 156, 234, 244, 275, 281, 341, 349, 403, 444, 527, 535, 593, 623, 636, 654, 702 et 724 pb.

Les sites parcimonieux informatifs (deux variantes) (au nombre de 54) en positions 18, 21, 24, 43, 53, 85, 90, 93, 94, 96, 98, 99, 131, 135, 146, 183, 197, 216, 232, 233, 235, 269, 305, 307, 321, 334, 338, 357, 372, 373, 377, 407, 428, 430, 443, 445, 468, 469, 490, 491, 531, 542, 559, 581, 604, 624, 634, 637, 655, 674, 678, 681, 683 et 713 pb.

Les sites variables singletons (trois variantes) (0) et les sites parcimonieux informatifs (trois variantes) (au nombre de 3) en positions 91, 95 et 582 du cytochrome b.

Tableau 33. Polymorphisme génétique du Cyt. b en fonction du support alimentaire et du milieu.

Paramètres	CBA		DFS		MIL	RIZ	CBA	DFS	Total
	Mil	Riz	Mil	Riz					
Effectif	22	26	19	24	41	50	48	43	91
S_{PI}	4	7	15	21	45	49	13	28	57
S_s	17	15	6	10	16	18	23	5	21
K	2,385	2,834	5,298	6,403	20,807	21,34	2,702	6,003	20,982
H_T	12	19	19	24	31	42	31	43	73
H_U	10	16	19	24	29	39	26	43	68

S_{PI} : sites polymorphes informatifs, **S_S** : sites singletons, **K** : nombre de différences nucléotidiques, **H_T** : nombre total d'haplotypes, **H_U** : haplotypes uniques, CBA : centre du bassin arachidier, DFS : delta du fleuve Sénégal.

L'haplotype H1 renferme 14 individus, H21 : 4 individus, H3 et H15 : 2 individus chacun, H2, H5, H6, H7, H8, H9, H10, H11, H12, H13, H14, H16, H17, H18, H19, H20, et H22 jusqu'à H73 renferment chacun un individu (voir tableau 34).

Cinq groupes d'haplotypes sont obtenus :

- Les haplotypes H13 à H30 sont uniquement rencontrés chez les individus élevés dans le riz et provenant du centre du bassin arachidier (RCBA) ;
- H2 à H12 : constitués par les pyrales issues du mil et provenant du centre du bassin arachidier (MCBA) ;
- H21 à H49 : observés chez les insectes émergés du mil du delta du fleuve Sénégal (MDFS) ;
- H50 à H73 : rencontrés chez les insectes qui proviennent du riz du delta du fleuve ;
- H1 : observé sur les deux céréales et uniquement au centre du bassin arachidier est l'haplotype majoritaire.

Tableau 34. Les haplotypes, les individus qui les constituent et leur nombre

Haplotypes	Individus	Nombre	Haplotypes	Individus	Nombre
H1	[MCBA1 MCBA2 MCBA3 MCBA8 MCBA11 MCBA13 MCBA16 MCBA19 MCBA20 MCBA21 RCBA11 RCBA21 RCBA23 RCBA25]	14	H39	[MCFS9]	1
H2	[MCBA4]	1	H40	[MCFS10]	1
H3	[MCBA5 MCBA9]	2	H41	[MCFS11]	1
H4	[MCBA6]	1	H42	[MCFS12]	1
H5	[MCBA7]	1	H43	[MCFS13]	1
H6	[MCBA10]	1	H44	[MCFS14]	1
H7	[MCBA12]	1	H45	[MCFS15]	1
H8	[MCBA14]	1	H46	[MCFS16]	1
H9	[MCBA15]	1	H47	[MCFS17]	1
H10	[MCBA17]	1	H48	[MCFS18]	1
H11	[MCBA18]	1	H49	[MCFS19]	1
H12	[MCBA22]	1	H50	[RCFS1]	1
H13	[RCBA1]	1	H51	[RCFS2]	1
H14	[RCBA2]	1	H52	[RCFS3]	1
H15	[RCBA3 RCBA26]	2	H53	[RCFS4]	1
H16	[RCBA4]	1	H54	[RCFS5]	1
H17	[RCBA5]	1	H55	[RCFS6]	1
H18	[RCBA6]	1	H56	[RCFS7]	1
H19	[RCBA7]	1	H57	[RCFS8]	1
H20	[RCBA8]	1	H58	[RCFS9]	1
H21	[RCBA9 RCBA19 RCBA22 RCBA24]	4	H59	[RCFS10]	1
H22	[RCBA10]	1	H60	[RCFS11]	1
H23	[RCBA12]	1	H61	[RCFS12]	1
H24	[RCBA13]	1	H62	[RCFS13]	1
H25	[RCBA14]	1	H63	[RCFS14]	1
H26	[RCBA15]	1	H64	[RCFS15]	1
H27	[RCBA16]	1	H65	[RCFS16]	1
H28	[RCBA17]	1	H66	[RCFS17]	1
H29	[RCBA18]	1	H67	[RCFS17]	1
H30	[RCBA20]	1	H68	[RCFS18]	1
H31	[MCFS1]	1	H69	[RCFS19]	1
H32	[MCFS2]	1	H70	[RCFS20]	1
H33	[MCFS3]	1	H71	[RCFS21]	1
H34	[MCFS4]	1	H72	[RCFS22]	1
H35	[MCFS5]	1	H73	[RCFS23]	1
H36	[MCFS6]	1			
H37	[MCFS7]	1			
H38	[MCFS8]	1			

III.2.2 Indices de diversité génétique : Hd, Pi et leurs écart-types

Ces deux indices sont d'abord déterminés dans chacune des quatre populations originelles puis dans les populations établies en fonction du support alimentaire et du milieu et enfin dans la population globale. Le Cyt-b montre une diversité haplotypique forte (Hd>50%) et une diversité nucléotidique assez faible (Pi<0,5%) dans les populations originelles : MCBA, RCBA et dans la population fonction du milieu : CBA. Par contre, le gène Cyt-b révèle une diversité haplotypique forte (Hd>50%) et une diversité nucléotidique forte (Pi>0,5%) dans les populations originelles MDFS et RDFS, la population globale, dans la population fonction du milieu (DFS) et dans les deux populations fonction du substrat alimentaire (Tableau 35).

Tableau 35. Indices standards de diversité génétique : Hd et Pi.

Populations	Hd	Pi
MCBA	0,801 +/- 0,00773	0,00327 +/- 0.00206
RCBA	0,960 +/- 00062	0,00388 +/- 0.00235
MDFS	1,000 +/- 0,00029	0,00726 +/- 0.00409
RDFS	1,000 +/- 0,00016	0,00877 +/- 0.00480
Mil	0,944 +/- 0,00092	0,0285 +/- 0.01426
Riz	0,989 +/- 0,00007	0,02923 +/- 0.01458
CBA	0,912 +/- 0;00126	0,0037 +/- 0.00222
DFS	1 +/- 0,00003	0,00822 +/- 0.00443
Total	0,976 +/- 0,00012	0,02874 +/- 0.01418

III.2.3 Structure génétique des populations : différenciation génétique et variance moléculaire :

III.2.3.1 Distance génétique de Nei

Les valeurs du D de Nei révèlent que la distance génétique est faible entre les populations originelles du même milieu bien qu'elles proviennent de substrats alimentaires différents : MCBA et RCBA (0,00379 ± 0,0008), MDFS et RDFS (0,00834 ± 0,00161). Par contre, cette distance génétique est importante entre populations de milieu différent : CBA et DFS (0,05329 ± 0,00774). Elle n'est pas aussi négligeable entre populations de substrat alimentaire différent de façon globale (Tableau 36).

Tableau 36. Distance génétique D de Nei intra et inter-milieu.

	RCBA		**RDFS**
MCBA	0,00379 ± 0,0008	**MDFS**	0,00834 ± 0,00161
	MIL		**DFS**
RIZ	0,02942 ± 0,00408	**CBA**	0,05329 ± 0,00774

La régression réalisée entre la distance génétique et la distance géographique montre un coefficient de détermination R^2 significativement élevé. Le R^2 traduit plus de 99% de variance de la distance génétique qui disparait quand la distance géographique est fixée. L'ordonnée à l'origine β0 est négativement significative tandis que la pente β1 est positivement significative. Ainsi l'hypothèse nulle H0 stipulant les deux matrices n'ont pas de lien doit être rejetée et l'hypothèse alternative H1 est retenue. La distance génétique des différentes populations de *C. cephalonica* est alors corrélée à la distance géographique (Tableau 37).

Tableau 37. Régression entre la distance génétique et la distance géographique.

Coefficient de détermination	R^2	0,9949
	p-value	9,96E-05
Ordonnée à l'origine	β0	-23,462
	p-value	0,0279
Pente de la droite	β1	3958,57
	p-value	9,96E-05

Équation du model : distance génétique = -23,462 + 3958,57 distance géographique

III.2.3.2 Variance moléculaire (AMOVA)

L'analyse de la variance moléculaire est axée sur trois critères (le milieu, le support alimentaire et la population). En considérant la zone agro-écologique et le support alimentaire, 4 groupes ont été définis à savoir le groupe des populations du centre du bassin arachidier (CBA), le groupe des populations du delta du fleuve Sénégal (DFS), le groupe des populations du mil et le groupe des populations du riz. L'analyse révèle que la source de variance moléculaire est essentiellement due à une diversité génétique entre les individus d'une même population qui représente 95 à 98% de variance totale. Cependant, la diversité génétique entre groupes, bien que faible, est significative et accumule 4,41% de la variation totale pour les deux premiers groupes (CBA et DFS) et 1,4% pour les deux autres (mil et riz) (Tableau 38).

Tableau 38. Source et pourcentages de la variance moléculaire.

Source de variation	Pourcentage de variation	Indices de fixation
Variation moléculaire entre milieux		
Entre milieux	4,41	F_{ST}=0,04409*** (P-value = 0,0000)
Au sein d'un milieu	95,59	
Variation moléculaire entre supports alimentaires		
Entre Support Alimentaire	1,4	F_{ST}=0,01398** (P-value = 0,01931)
Au sein d'un Support Alimentaire	98,6	
Variation moléculaire entre populations		
Entre populations	4,75	F_{ST}=0,04747*** (P-value = 0,0000)
Au sein d'une population	95,25	

III.2.4 Évolution démographique

L'analyse des courbes de mismatch distribution sous l'hypothèse d'une population en expansion donne une allure bimodale pour la population globale et celle du centre du bassin arachidier bien que les SSD sont non significatifs. La courbe de mismatch distribution pour la population du delta du fleuve Sénégal a montré une distribution unimodale (Figure 34).

En considérant la population globale, la valeur du test démogénétique D de Tajima est positive et non significative et celle du test F_S de F_U est négative et significative ; la valeur R^2, en revanche, est non significativement positive et enfin les indices démographiques SSD et Rag sont non significatifs (Tableau 39).

Par contre, ces valeurs démogénétiques (D de Tajima et F_S de F_U) sont négatives et significatives pour le centre du bassin arachidier avec des indices SSD et Rag non significatifs et une valeur de R^2 non significativement positive.

Pour le delta du fleuve Sénégal, ces tests démogénétiques révèlent des valeurs négatives mais seulement significative avec le F_S de F_U. Ses indices SSD et Rag sont non significatifs et enfin sa valeur R^2 est positive et non significative (Tableau 39).

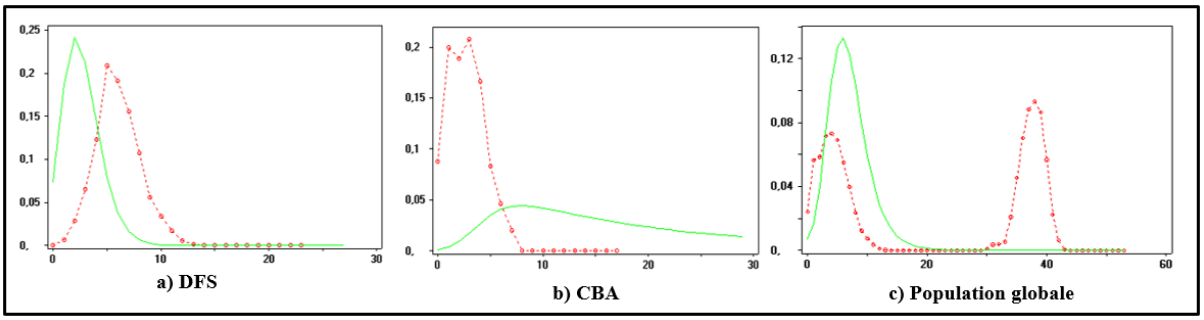


Figure 34. Mismatch distributions par paire d'individus de la population globale (c), de la population CBA (b) et de la population CFS (a).

Tableau 39. Tests démogénétiques de neutralité et statistiques démographiques du passé.

	CBA	DFS	Total
Test D de Tajima			
D de Tajima	-2,2655	-0,73262	1,20796
P-value	0,002***	0,257	0,922
Test FS de FU			
F_S de F_U	-26,54885	-25,27605	-23,99518
P-value	0***	0***	0,001***
Indice SSD			
SSD	0,00216	0,00496	0,04005
P-value	0,68	0,126	0,325
Indice Rag			
Rag	0,02401	0,02017	0,00631
P-value	0,757	0,101	0,652
R^2	0,09283	0,09472	0,09484
P-value	0,923	0,891	0,895

III.2.5 Approche phylogénétique

III.2.5.1 Réseau haplotypique

Ce réseau (Figure 35) révèle que les haplotypes se répartissent en fonction de la zone agro-écologique ; tous les individus du centre du bassin arachidier forment un groupe d'un côté (encadré bleu) et ceux du delta du fleuve Sénégal un groupe de l'autre côté (encadré rouge). RCFS10 est l'haplotype de transition et *C. cephalonica* a infesté le delta du fleuve Sénégal en premier ; le centre du bassin arachidier n'a été infesté que plus tard. Au Sénégal donc, les infestations commencent du nord au centre et du riz au mil.

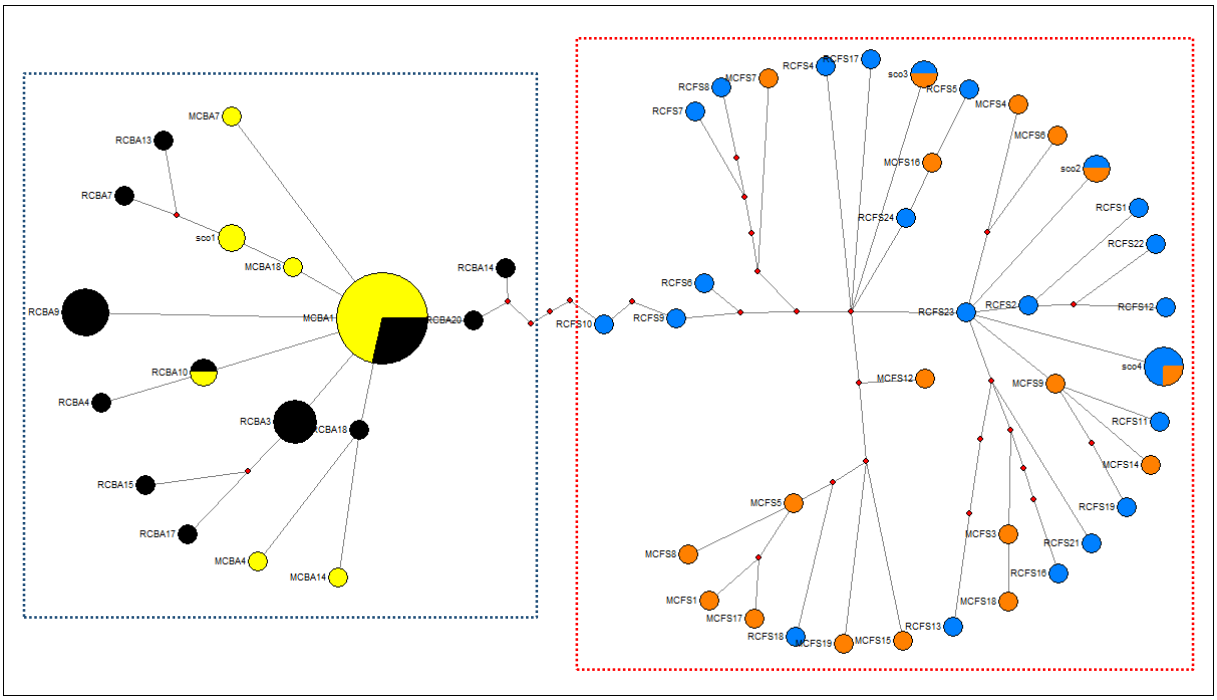


Figure 35. Réseau haplotypique des populations de *C. cephalonica*

Légende : ● Riz du Centre du Bassin Arachidier ● Mil du Centre du Bassin Arachidier

● Mil du Delta du Fleuve Sénégal ● Riz du Delta du Fleuve Sénégal

III.2.5.2 Arbres phylogénétiques des haplotypes

Les topologies des arbres phylogénétiques *C. cephalonica* obtenues sont similaires entre la méthode de Neighbor-Joining et celle bayésienne. Ces deux méthodes ont révélé des arbres phylogénétiques constitués de deux clades bien distincts et soutenus significativement par un bootstrap fort (99%) pour le Neighbor-Joining (Figure 37) et une probabilité postérieure forte (100%) pour l'inférence bayésienne (Figure 36). Le premier clade isole tous les individus du centre du bassin arachidier et constitue l'haplogroupe HG1 et l'autre clade regroupe tous les individus du delta du fleuve Sénégal dans l'haplogroupe HG2 ; ce qui corrobore la corrélation

existant entre les distances génétique et géographique et le patron du réseau haplotypique (Figure 35) ; ce qui corrobore la corrélation existante entre les distances génétique et géographique et le patron du réseau haplotypique. Les arbres ont été enracinés avec le *Sitotroga cerealella*.

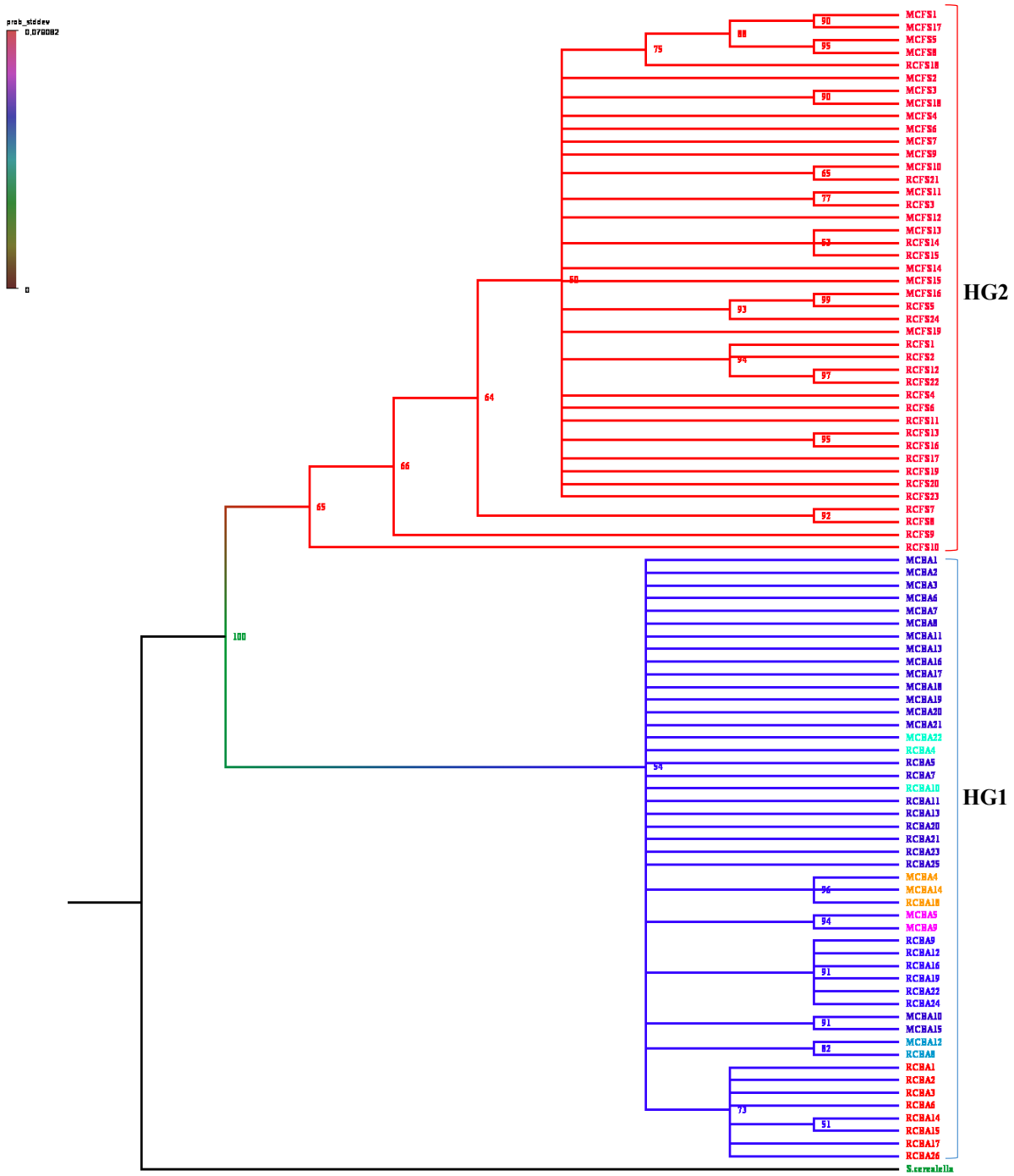


Figure 36. Arbre phylogénétique de *C. cephalonica* par inférence bayésienne en fonction de la zone agro-écologique.

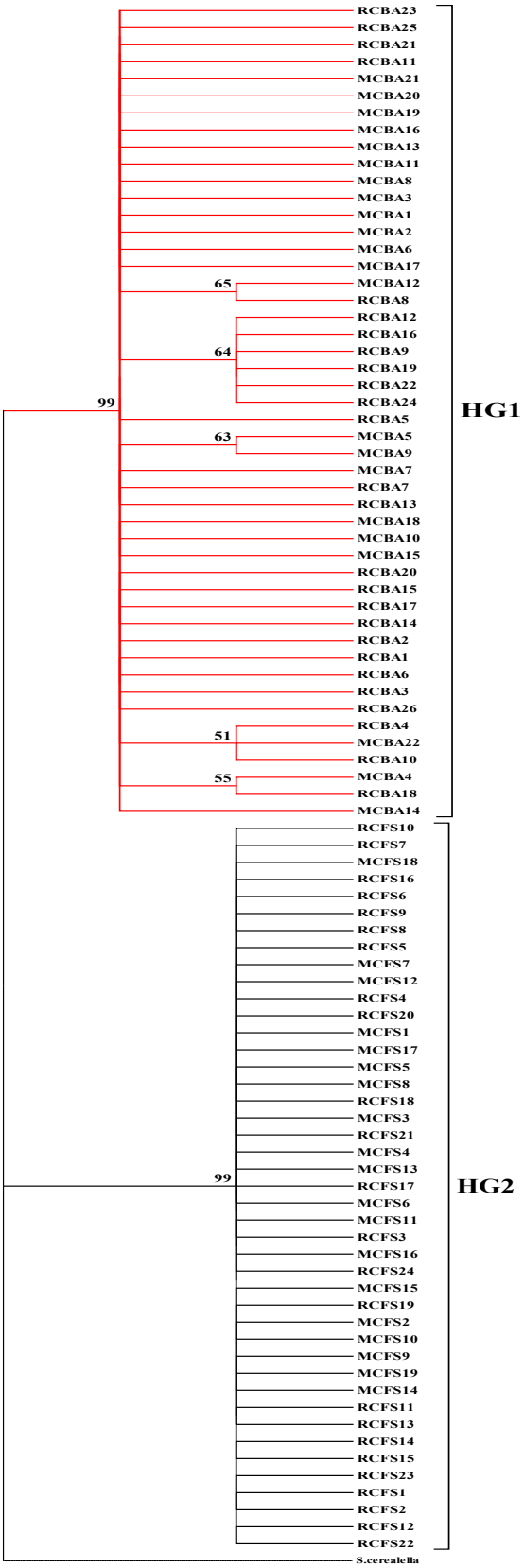
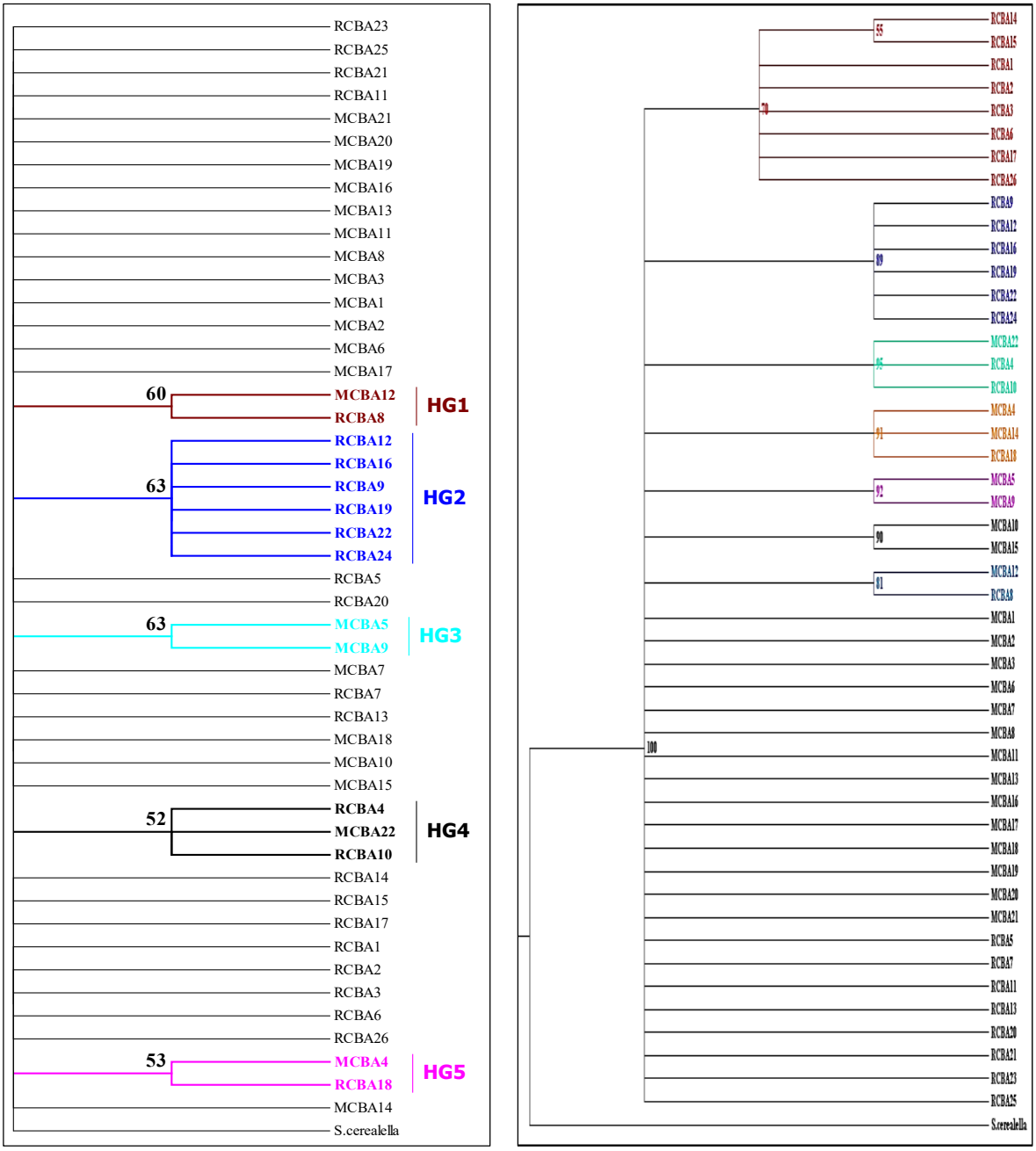


Figure 37. Arbres phylogénétiques de *C. cephalonica* en fonction de la zone agro écologique par méthode de Neighbor-Joining.

Dans le centre du bassin arachidier, les arbres phylogénétiques, pour les deux méthodes utilisées, sont constitués d'un seul clade. Ce clade, pour chacune des méthodes, est constitué de sous-clades qui ont montré quelques affinités phylogénétiques entre individus de support alimentaire différent et entre individus de même support alimentaire. Ces sous-clades sont soutenus par des bootstraps moyens (50 à 63%) pour la méthode de Neighbor-Joining (Figure 38A) et par des soutiens bayésiens élevé (78 à 95%) pour l'inférence bayésienne (Figure 38B). Les individus provenant du riz sont plus apparentés.

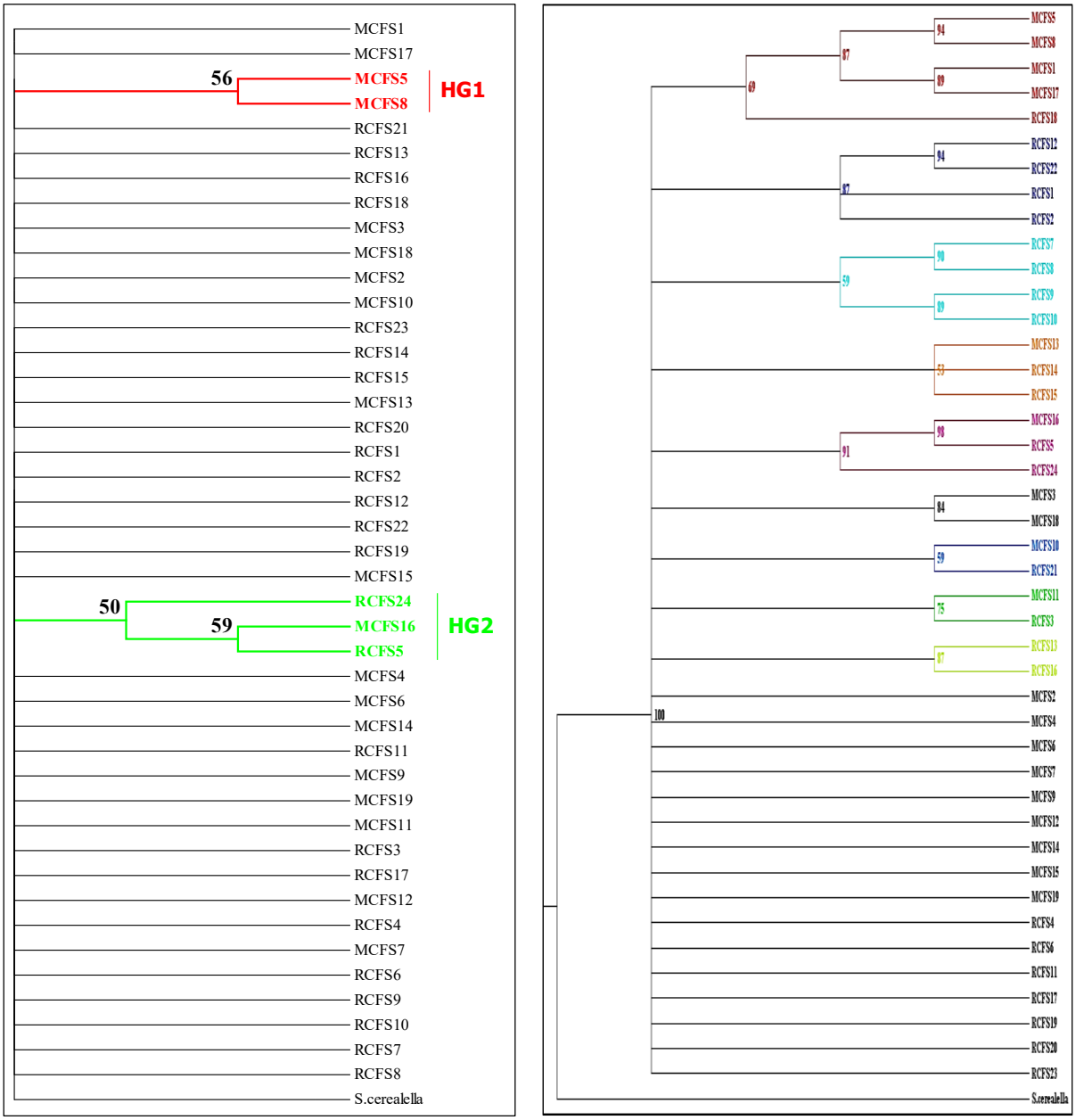


A : par méthode de Neighbor-Joining.

B : par inférence bayésienne (IB).

Figure 38. Arbres phylogénétiques de *C. cephalonica* en fonction du substrat alimentaire dans le centre du bassin arachidier.

Dans le Delta du fleuve Sénégal, les deux arbres phylogénétiques de *C. cephalonica* sont, chacun, constitués d'un seul clade. Ce dernier est constitué de sous-clades soutenus par des bootstraps moyens (50 à 56%) pour la méthode de Neighbor-Joining (Figure 39A) et de sous-clades soutenus par des probabilités postérieures moyennes à élevées (53 à 91%) pour l'inférence bayésienne (Figure 39B). La méthode bayésienne a montré plus de liens phylogénétiques qui sont de deux types : affinités phylogénétiques entre individus de même substrat alimentaire et affinités entre individus de substrat alimentaire différent.



A : par méthode de Neighbor-Joining.

B : par inférence bayésienne (IB).

Figure 39. Arbre phylogénétique de C. cephalonica en fonction du substrat alimentaire dans le delta du fleuve Sénégal.

III.3 Discussion

L'objectif de cette étude consistait à étudier la structuration génétique des populations de *C. cephalonica* sur les stocks de mil et de riz dans deux zones du Sénégal agro-écologiquement différentes : le centre du bassin arachidier et le delta du fleuve du fleuve Sénégal pour voir s'il y a un aspect biotype et un aspect écotype entre ces populations. Ce qui permettrait sans doute de développer des méthodes de luttes différentes entre zone d'une part et entre substrat alimentaire d'autre part contre *C. cephalonica.*

Quatre-vingt-onze (91) séquences du gène mitochondrial Cyt-b constituent le jeu de données et les changements nucléotidiques opérés sur l'ensemble de ces séquences ont permis de déceler soixante-treize (73) haplotypes dont soixante-huit (68) sont individuels ; ce qui montre une énorme diversité génétique pour un échantillon de seulement 91 séquences. Ce nombre élevé d'haplotype pourrait être expliqué par la longueur importante des séquences (730pb) obtenue, pour la première fois, avec la technologie NGS. Selon Avise (2009), plusieurs facteurs contribuent sans doute au taux d'évolution rapide de l'ADNmt.

Le nombre élevé d'haplotypes est certes surprenant comparé aux 18 haplotypes de Sarr et *al*. (2016) pour 78 individus ou les 9 haplotypes de Dia et *al.* (2016) pour 60 individus mais il peut être dû à la longueur des séquences qui dédouble presque celle des deux études précitées. Dans le delta du fleuve Sénégal, le nombre élevé d'haplotypes uniques pourrait s'expliquer par le fait que cette zone est frontalière à la Mauritanie et importe du mil aux autres régions du pays ; ce que fait qu'il y a beaucoup d'échanges commerciaux qui amènent de nouveaux haplotypes. De plus, ce milieu connait une forte production du riz qui est exportée vers les autres régions du pays, ce qui ferait que le riz n'est pas infesté par des haplotypes d'autres zones agro-écologiques.

Le nombre de différences nucléotidiques K montre qu'il y a plus d'homogénéité bien que moindre dans le centre du bassin arachidier (K=2,702) que dans le delta du fleuve Sénégal (K=6,003). Ces valeurs de K sont proches de celles de Ndiaye *et al.* (2018) entre les populations sahélo-soudaniennes et guinéo-congolaises de *Sitophilus zeamaïs.* Du centre vers le nord du pays, dans les zones agro écologiques, sévissent des facteurs climatiques différents qui pourraient expliquer la différence génétique observée entre zone.

Le centre du bassin arachidier présente une diversité haplotypique forte et une diversité nucléotidique faible donc ses populations seraient issues d'une population ancestrale ayant subi

un bottleneck suivi d'une croissance démographique rapide avec une accumulation de mutations.

En revanche, dans le delta du fleuve Sénégal où les diversités haplotypique et nucléotidique sont fortes ce qui tombe dans les gammes standards de la diversité génétique des insectes ravageurs (Kébé, 2013) ; les populations de *C. cephalonica* proviendraient d'une population ancestrale stable ayant une longue histoire évolutive. Ceci peut être dû à un second contact de lignées de *C. cephalonica* qui s'étaient préalablement séparées mais le D de Tajima et le F_S de F_U significativement négatifs et la courbe de mismatch avec son allure unimodale et SSD non significatif infirment cette origine.

Cependant, la population totale présente des diversités haplotypique et nucléotidique fortes ; ce qui veut dire, que les quatre populations de la mite du riz échantillonnées seraient issues d'une population ancestrale stable avec une grande taille effective. Le D de Tajima non significatif confirme cette population totale de *C. cephalonica* stable.

Jusqu'ici, très peu d'informations sont disponibles sur la structure génétique de *C. cephalonica*.

La distance génétique faible entre populations du même milieu émergeant de supports alimentaires différents (MCBA et RCBA, RDFS et MDFS) montre qu'il y a très peu ou pas de différence génétique entre ces populations. Ce qui est différent aux résultats de bien de travaux entomologiques comme ceux de Chaudhuri et *al*. (2015), LO et *al*. (2020) selon qui le substrat alimentaire a un effet sur les paramètres biologiques de *Corcyra cephalonica*. Cet effet devrait de prime abord se sentir à l'échelle moléculaire donc sur l'ADN qui devrait montrer une distance génétique assez importante entre le mil et le riz. Cette faible différence génétique est peut-être alors due au comportement polyphage de l'insecte. Par contre, les inférences de l'AMOVA, bien que faibles, confirmeraient ces auteurs entomologistes car la variance moléculaire est expliquée significativement à 1,4% par le substrat alimentaire et le F_{ST} = 0,01398 < 0,05. D'après Wright (1978), un F_{ST} compris entre 0 et 0.05 révèle une différenciation génétique faible. Cependant, l'effet de ce dernier est très faible comparé à l'effet des plantes hôtes sur la structuration génétique des populations de *Caryedon serratus* (Sembène *et al.*, 1998) où la distance génétique fait trente fois celles dans cette présente étude.

Entre milieux ou zones agro-écologiques, il est noté une distance génétique assez importante qui montre une nette différence de structuration génétique des populations du centre du bassin arachidier à celles du delta du fleuve Sénégal. Dans la même veine, l'analyse de la variance moléculaire (AMOVA) montre que 4,41% de la variation génétique, entre ces populations de

Corcyra, sont dues au milieu avec un $F_{ST} = 0,04409$ qui est significatif. Cette partition, bien que significative, est deux fois inférieure à celle obtenue par Ndiaye & Sembène (2018) dans l'étude de l'effet des zones biogéographiques sur la structuration génétique des populations de *Sitophilus zeamaïs*. De plus, cette différenciation génétique entre populations de *C. cephalonica* du centre bassin arachidier et celles du delta du fleuve Sénégal est expliquée par l'isolement par la distance (Wright, 1943) à travers la régression qui montre l'existence d'un lien fort entre la distance génétique et la distance géographique. Ce qui confirme la conclusion des travaux de LO *et al.* (2020) selon laquelle ces deux zones agro-écologiques ont un soubassement sur la bio-écologie des différentes populations de *C. cephalonica*. Il existerait alors, entre ces populations, un aspect écotype qui serait lié aux facteurs écologiques, particuliérement climatiques, de ces deux sites qui appartiennent à des zones agro-écologiques différentes et qui seraient un facteur de différenciation génétique. Mais, toutes proportions gardées, ce résultat est le contraire de celui de Sarr et *al.* (2016) selon qui, il n'y a pas de différenciation génétique entre les populations de *Sitophilus* en fonction de la zone agro-écologique pour le Cyt-b.

L'hypothèse de recherche est qu'il y aurait une structuration génétique des populations de *C. cephalonica* en fonction du milieu d'une part et en fonction du substrat alimentaire d'autre part. Cette hypothèse semble plausible d'après le réseau haplotypique et les deux arbres phylogénétiques qui montrent deux clades soutenus par un fort bootstrapping (Neighbor-Joining) et une forte probabilité postérieure (Inférence bayésienne). Le premier clade ou haplogroupe1 (HG1) regroupe seulement les individus du centre du bassin arachidier tandis que l'autre (HG2) regroupe les individus du delta du fleuve Sénégal ; ce qui confirme l'isolement par la distance et l'effet des zones agro-écologiques sur la structuration génétique de la mite du riz. L'origine des infestations serait au niveau du riz du delta du fleuve qui contaminerait d'abord le mil de cette même zone puis le riz du centre du bassin arachidier. Ce qui est logique puisque que le riz stocké dans la station de conditionnement du centre du bassin arachidier provient en majorité du delta du fleuve.

Ce résultat pourrait être expliqué par les facteurs abiotiques différents entre zone, plus particulièrement les facteurs climatiques (température, éclairement, vent, humidité relative de l'air et pluviométrie) ; la zone du delta du fleuve présente un climat plus favorable pour le développement de la mite car se situant à proximité de l'océan atlantique.

L'effet du substrat alimentaire sur la bio-écologie de l'insecte est certe avéré selon les travaux de LO et *al.* (2020), mais les arbres phylogénétiques obtenus en fonction du substrat alimentaire surtout sur l'arbre bayésien montrent que cet état de fait ne serait pas lié à un soubassement

génétique puisque des groupements d'individus de supports alimentaires différents ont montré des affinités phylogénétiques dans le centre bassin arachidier comme dans le delta du fleuve Sénégal. Ce qui se comprend aisément du fait que la composition nutritive des deux céréales en protéines, en sels minéraux et vitamines soit différente et agirait plutôt sur les plans morphologique et physiologique que génétique de l'insecte. L'exemple des sportifs qui modifient leur alimentation pour une transformation physique ou pour booster leur performance, l'utilisation de médicaments fertilisants pour augmenter les chances de fécondants chez certains individus, entre autres, et qui ne change en rien leurs génomes, peuvent êtres de parfaites illustrations de cet effet substrat alimentaire.

Conclusion et perspectives

Dans cette étude, les populations de *C. cephalonica* sur les stocks de mil et de riz ont été génétiquement caractérisées en fonction du milieu et du support alimentaire à travers le gène Cyt-b.

Les différentes analyses ont montré que la population globale est en équilibre démographique (stable) et que l'existence de l'aspect écotype est avérée avec un isolement par la distance (IBD) ; les producteurs doivent éviter le mélange des populations de la pyrale inféodées aux grains de mil et de riz et provenant de zones agro-écologiques différentes pour réduire le croisement entre populations et du coup diminuer la diversité génétique.

Cependant, une faible différenciation génétique, bien que significative, existe selon le test AMOVA entre les populations en fonction du support alimentaire ; ce qui nous pousse à relativiser sur l'existence de l'aspect biotype.

L'hypothèse selon laquelle l'effet zone serait lié à la biologie moléculaire de la pyrale semble être plausible. Des études plus approfondies devront être faites pour enlever l'ambiguïté sur cet aspect biotype et en même temps confirmer davantage l'aspect écotype avec des marqueurs nucléaires comme les microsatellites ou ITS pour prendre en compte toutes les informations venant des côtés matrilinéaire et patrilinéaire. Cette étude permettrait-elle d'expliquer les pertes occasionnées par la pyrale dans les grains pendant leur stockage ?

CHAPITRE V. Évaluation des pertes quantitatives et qualitatives sur les grains du mil et du riz blanc en stockage causées *par C. cephalonica* (Stainton) au Sénégal.

CHAPITRE IV. Évaluation des pertes quantitatives et qualitatives sur les grains du mil et du riz blanc en stockage causées par *C. cephalonica* (Stainton) au Sénégal.

Résumé

Au Sénégal, le mil (*Pennisetum glaucum* (L.) R. Br.) et le riz (*Oryza sativa* (L., 1753)) sont les aliments les plus consommés. Cette étude entre dans le cadre de l'amélioration de la conservation de ces deux céréales au Sénégal à travers l'évaluation des pertes quantitatives et qualitative causées par un lépidoptère, *Corcyra cephalonica* (Stainton) inféodé aux stocks de grains de mil et de riz. A cet effet des échantillons de mil et de riz en provenance d'une zone du centre du bassin arachidier (Diourbel) ont été collectés, stérilisés au froid et infectés avec des œufs de *C. cephalonica* issus de la même localité. Ces échantillons infestés ont été suivis pendant une période de développement de deux générations successives. Les résultats ont montré que le pourcentage d'attaque est trois fois plus élevé sur les grains de mil (36,31 ± 25,18 %) que sur ceux du riz (12,95 ± 6,69 %) avec une différence non significative (p-value = 0,296 > 0,05). Une tendance similaire est observée au niveau du pourcentage de perte, qui est quatre fois plus élevé dans les grains de mil (8,67 ± 5,07 %) que dans ceux du riz (2,86 ± 2,75 %) avec une différence non significative (p-value = 0,835> 0,05).

Mots clés : mil, riz, *C. cephalonica,* Diourbel, pertes, pourcentage d'attaque, pourcentage de perte.

Abstract

In Senegal, millet (*Pennisetum glaucum* (L.) R. Br.) and rice (*Oryza sativa* (L., 1753)) are the most consumed foods. This study is part of the improvement of the conservation of these two cereals in Senegal through the evaluation of the quantitative and qualitative losses caused by a lepidopteran, *Corcyra cephalonica* (Stainton) dependent on stocks of grains of millet and rice. For this purpose, samples of millet and rice from an area in the center of the groundnut basin (Diourbel) were collected, cold sterilized and infected with *C. cephalonica* eggs from the same locality. These infested samples were followed for a development period of two successive generations. The results showed that the percentage of attack is three times higher on millet grains (36.31 ± 25.18%) than on those of rice (12.95 ± 6.69%) with a non-significant difference. (p-value = 0.296 > 0.05). A similar trend is observed for the percentage loss, which is four times higher in millet grains (8.67 ± 5.07%) than in rice (2.86 ± 2.75%) with a non-significant difference (p-value = 0.835 > 0.05).

Key words: millet, rice, *C. cephalonica*, Diourbel, losses, percent attack, percent loss.

Introduction

Les pertes interviennent à tous les stades, de la récolte à la consommation : d'abord chez le producteur, qu'il s'agisse de produits destinés à l'autoconsommation, à la semence ou en attente d'être commercialisés ; puis pendant le transport vers les lieus de stockage et au cours du stockage ; enfin dans les réserves des commerçants. Toutes ces pertes sont d'autant plus dommageables qu'elles affectent le produit une fois récolté ; elles ne nuisent pas seulement au paysan mais coûtent aussi très cher à l'économie nationale (SEMBENE, 1996). Pour nombre de pays en voie de développement les céréales et les légumineuses à grain représentent l'élément essentiel du régime alimentaire des populations, surtout de celles à plus faibles revenus, généralement rurales. Dans ces pays, l'autosuffisance alimentaire reste encore souvent un objectif à atteindre, et cela n'est pas toujours ou uniquement dû à l'inefficacité des systèmes de production locale. L'ampleur des pertes après-récolte limite parfois sérieusement l'impact des efforts faits pour accroître les productions vivrières ; la disponibilité d'aliments au niveau local s'en trouve réduite, condamnant les politiques nationales à avoir recours à des importations massives de denrées et augmentant ainsi leur dépendance alimentaire. Les gouvernements des pays en voie de développement, ainsi que nombre d'ONG, d'organismes de coopération internationale, bilatérale et multilatérale, et plus particulièrement la FAO, sont engagés depuis plusieurs années dans la réalisation de projets visant à la prévention des pertes alimentaires. Les expériences acquises dans le cadre de ces interventions ont souvent mis en évidence la nécessité non seulement d'améliorer les procédés de production, mais encore de sensibiliser les producteurs comme les institutions intéressées au problème des pertes après-récolte (FAO, 1992). Ainsi, pour les cultivateurs, c'est un immense plaisir de pouvoir admirer un champ de maïs, de sorgho ou de riz sur le point d'être récolté. Mais quelle déception lorsque l'on doit constater qu'après la récolte, une partie quelquefois importante du grain produit a été perdue, ou s'est tellement détériorée qu'elle est devenue impropre à la consommation ou à la vente. Que s'est-il passé, à quel moment ? Et surtout, que peut-on faire, après tant d'efforts, tant d'heures consacrées aux travaux des champs, pour éviter de subir des pertes après-récolte ? Mbata (1989) ainsi que LO et *al.* (2020) ont étudié la biologie de *C. cephalonica* sur différents aliments comme l'arachide, le cacao, le maïs, le riz, le niébé et le mil. Comment peut-on évaluer de manière fiable les pertes dues aux insecte des grains particulièrement *C. cephalonica* sur le mil et le riz pendant le stockage ? C'est dans cette optique que s'inscrit la présente étude dont le thème est intitulé « Évaluation des pertes quantitatives et qualitatives sur les grains du mil et du riz blanc en stockage causées par *C. cephalonica* (Stainton) au Sénégal ».

IV.1 MATERIEL ET METHODES

IV.1.1 Milieu d'étude

L'étude a été conduite dans le laboratoire des Sciences de la Vie et de la Terre du Nouveau Lycée de Kaolack (NLK). Ce milieu appartient la zone Sahélo-Soudanienne (SAS) et les expériences ont été déroulées sous une température moyenne de 30,44 ± 1,96 °C et une humidité relative moyenne de 73,21 ± 1,74 %. Les échantillons de mil et de riz ont été collectés dans la station de conditionnement des semences de la région de Diourbel.

IV.1.2 Matériel

Le matériel biologique a été constitué d'échantillons de mil et de riz blanc, des œufs de *C. cephalonica* récupérés des pontes des femelles issues de ces deux céréales de la même localité.

Le matériel physique a été formé par les éléments suivants : des boites en plastique avec couvercles troués pour faciliter l'aération du milieu de 50 cm^3 de capacité, des tambours d'accouplement pour la récupération des œufs, des bacs pour contenir les échantillons, une armoire de rangement pour protéger les échantillons contre les rongeurs, un réfrigérateur pour la stérilisation du substrat alimentaire, une colonne de tamis pour séparer les pyrales de la céréale, des boites de pétri et une pince pour le tri des grains et assisté par une loupe binoculaire, une balance électronique Jeulin : cap : 400g ; grad : 0,1g pour le pesage des échantillons, des béchers en pyrex de 80 ml qui résistent à la chaleur lors de la mise à l'étuve, une étuve pour la détermination de la teneur en eau des échantillons, des étiquettes pour le marquage des échantillons, un GPS (Global Positionning System) pour le relevé des coordonnées géographiques.

IV.1.3 Méthodes

IV.1.3.1 Échantillonnage

Des échantillons de 20 g de grains de mil ou de brisures de riz blanc, infestées par les œufs d'une souche sauvage de *C. cephalonica* en provenance de la station de conditionnement des semences de la localité de Diourbel, située à 14° 39' 4,5'' N ; 16° 15' 19,36'' W appartenant à la zone Sahélo-Soudanienne (SAS), servant à l'étude des paramètres biologiques de la teigne des grains secs, sont récupérés après un premier et un deuxième cycle complet de développement larvaire de la pyrale et ont été utilisés comme matériel biologique. Les échantillons ont été soigneusement examinés avant contamination et après le cycle larvaire de la pyrale.

IV.1.3.2 Détermination de la teneur en eau

Une diminution de la substance physique du produit se traduit par une perte de poids. Il convient de distinguer néanmoins perte de poids et perte de produit. La diminution de la teneur en humidité entraîne une baisse de poids, qui n'est pas une perte alimentaire. A l'inverse, une augmentation de poids par absorption d'humidité, à la suite de pluies sur un stock en plein air par exemple, peut causer de graves dégâts qui entraîneront des pertes (FAO, 1992). Selon Grolleaud (2002), du point de vue biochimique, les produits organiques se composent de matière sèche et d'eau. La teneur en eau désigne la quantité d'eau libre contenue dans un produit donné. La teneur en eau est exprimée soit par un rapport décimal, soit par un pourcentage ; par exemple, pour les céréales, un taux de 13 % d'humidité est considéré comme une garantie de bonne conservation du grain. En agriculture, on a coutume d'indiquer la teneur en eau ou taux d'humidité à partir du produit humide, et, dans ce cas, on la définit ainsi : la teneur en eau est le rapport entre le poids d'eau et le poids total de matière sèche et d'eau.

Ainsi pour déterminer la teneur en eau des grains de céréales, deux lots de dix boites chacun sont récupérés. Les contenus des boites du lot 1 sont mélangés pour former un échantillon global de 200 g de grains de mil d'une part, ceux du lot 2 aussi sont mélangés pour donner un échantillon global de 200 g de grains de riz d'autre part.

Ces échantillons globaux sont par la suite tamisés grâce à une colonne de tamis à mailles décroissantes afin d'éliminer les insectes sous leurs différentes formes et la poussière.

Des échantillons globaux nettoyés, dix béchers en verre pyrex de 80 ml de capacité sont remplis chacun de 20 g de grains de mil et dix autres de 20 g de riz chacun. Ces béchers sont par la suite placés à l'étuve à une température de 85 °C. Après 17 heures, les échantillons sont pesés à nouveau. La teneur en eau a été appréciée par la formule suivante :

$\boldsymbol{Te}$ (%) $= \frac{(\boldsymbol{m1}-\boldsymbol{m2})}{\boldsymbol{m1}} * \mathbf{100}$ **;** avec : Te : teneur en eau ; m1 : masse de l'échantillon avant le dépôt à l'étuve ; m2 : masse de l'échantillon à la sortie de l'étuve.

IV.1.3.3 Évaluation des pertes occasionnées par *C. cephalonica* sur les grains de mil et de riz

Par l'expression "pertes après-récolte", on entend une réduction quantitative et qualitative mesurable d'un produit donné. Ces pertes peuvent se produire tout au long des différentes phases caractérisant le système après-récolte. Cette définition doit également prendre en compte les cas de détériorations des produits. Cependant, plus que de pertes à proprement parler, il serait plus juste de parler de limitation dans l'utilisation du produit. En effet, des grains

partiellement détériorés par des insectes, par exemple, peuvent ne plus être appropriés à la consommation humaine, ou à la commercialisation. Si telles étaient leurs destinations, nous devons admettre qu'il s'agit de pertes, même si l'on peut récupérer les grains en les utilisant pour l'alimentation des animaux de basse-cour (FAO, 1992).

Pour évaluer les pertes quantitatives et qualitatives, six échantillons, dont les trois premiers sont composés de grains de mil et les trois derniers de ceux du riz, de 10 g chacun, sont prélevés dans l'échantillon initial (témoin), dans les échantillons globaux ayant servi au développement d'une première génération larvaire et dans les échantillons globaux de développement de deux générations larvaires successives. Les grains, après observations, sont triés, comptés et pesés. Les deux paramètres suivants ont été mesurés pour évaluer les pertes occasionnées par *C. cephalonica* ravageur des stocks de mil et de riz :

- le pourcentage d'attaques des grains (% A) ;
- le pourcentage de perte de poids des grains (% B).

A partir des données collectées, les pourcentages d'attaques des grains ont été calculés après le tamisage en utilisant la formule suivante :

$\% \boldsymbol{A} = \frac{\boldsymbol{Nb.GA}}{\boldsymbol{Nb.GA+Nb.GS}} * \mathbf{100}$ **;** avec : Nb.GA : le nombre de grains attaqués ; Nb.GS : le nombre de grains sains.

Les pertes de poids (exprimées en %) ont été calculées après chaque tamisage à partir de la formule de comptage et de pesage de Adams et Schulten (1978) suivante :

$\% \boldsymbol{B} = \frac{\boldsymbol{PGS*Nb.GA-PGA*NGS}}{\boldsymbol{PGS(Nb.GA+Nb.GS)}} * \mathbf{100}$; avec : Nb.GA le nombre de grains attaqués ; Nb.GS : le nombre de grains sains ; PGA : le poids des grains attaqués ; PGS : le poids des grains sains.

IV.1.3.4 Analyses statistiques

Le type de modélisation utilisé ici est une régression linéaire multiple avec Y/variables dépendantes le pourcentage d'attaque (% A) et le pourcentage de perte (% B) et X/variables explicatives le nombre de grains sains (Nb. GS), le nombre de grains attaqués (Nb. GA), le poids des grains sains (PGS), le poids des grains attaqués (PGA), le type de céréales (mil et riz) et les générations larvaires (G0, G1, et (G1+G2)). Les coactions (*) de niveau deux entre les facteurs ont été utilisées dans cette régression réalisée avec Excel et XLSTAT qui ont permis de faire les calculs et les tests de comparaison de type Mann Withney de même que l'ANCOVA. La transformation racine carrée (Crawley, 2007) a été préalablement effectuée sur les variables

pour s'assurer du respect des conditions d'application de l'analyse de la covariance (normalité des populations, égalité des variances-populations, linéarité de la relation entre le pourcentage d'attaque et le pourcentage de perte de poids des stocks de riz et mil). IBM SPSS Statistics 24 a permis de faire des corrélations de type Spearman afin de vérifier le degré de liaison entre variables et de déceler la signification du test au seuil de 5%.

IV.2 Résultats

IV.2.1 Teneur en eau des grains de mil et de riz

La teneur en eau des échantillons des grains de mil et de riz a été déterminée et les résultats ont montré que la teneur en eau la plus élevée a été obtenue avec les grains de riz variant d'un minimum de 10 % à un maximum de 11,50 % et une moyenne de 10,75 ± 0,4249 %, et la plus faible sur les grains de mil oscillant entre 8,5 et 10 % avec une moyenne de 9,40 ± 0,3944 %. Ainsi les grains de riz sont plus riches en eau que ceux du mil et la différence de rang est très significative (p-value = 0,0001 < 0,05).

IV.2.2 Pertes occasionnées par *C. cephalonica* sur les stocks de grains de mil et de riz

Pour l'ensemble des deux céréales (mil et riz) et des générations, le pourcentage d'attaque varie d'un minimum de 3,83 à un maximum de 58,74 % avec une moyenne de 24,6263 ± 4,8208 %. Le pourcentage de perte oscille d'un minimum de 0,18 à un maximum de 13,37 % avec une moyenne de 5,7275 ± 4,8202 %. Ainsi le pourcentage de perte est inférieur au pourcentage d'attaque et son évolution suit celle du pourcentage d'attaque.

Le nombre de grains sains évolue d'un minimum de 581 à un maximum de 1503 grains avec une moyenne de 913 ± 375,6914 grains ; celui des grains attaqués fluctue entre 24 et 1028 grains avec une moyenne de 377,375 ± 409,4808 grains, cet écart type renseigne que les données sont très dispersées au tour de la moyenne. Ce qui semble être normal vu que les céréales ne sont pas de même nature et que les grains sont attaqués de manière aléatoire.

Le poids des grains sains varie entre 4,5 et 9,6 g avec une moyenne de 7,9 ± 2,0142 g ; celui des grains attaqués se situe entre 0,4 et 5 g avec une moyenne de 2,0375 ± 1,84 g (tableau 40).

Tableau 40. Données statistiques des paramètres étudiés :

Variable	Observations	Minimum	Maximum	Moyenne	Ecart-type
% A	8	3,83	58,74	24,6263	21,1382
% B	8	0,18	13,37	5,7275	4,8208
Nb.GS	8	581	1503	913	375,6914
Nb. GA	8	24	1028	377,375	409,4808
PGS (g)	8	4,5	9,6	7,9	2,0142
PGA (g)	8	0,4	5	2,0375	1,84

Pour le type de céréales, nous avons la même modalité (50 % partout). Cependant, pour les générations, la modalité et en faveur de la génération (G1+G2) (tableau 41).

Tableau 41. Tableau des moyennes des modalités

Variable	Modalités	Effectifs	%
Céréale	mil	4	50
	riz	4	50
Génération	G0	2	25
	G1	2	25
	G1+G2	4	50

IV.2.3 Comparaison des pourcentages d'attaque dans les grains

Le pourcentage d'attaque est trois fois plus élevé sur les grains de mil que sur ceux du riz avec 36,31 ± 25,18% et 12,95 ± 6,69% respectivement. Cependant, la différence de rang entre les pourcentages d'attaques sur mil et sur riz n'est pas significative (P-value = 0,1936 > 0,05).

IV.2.4 Corrélation entre les pourcentages d'attaque et de perte

– Résultats pour le groupe céréale-mil :

Les résultats ont montré qu'il n'y a pas de corrélation entre les pourcentages d'attaque et de perte dans les grains de mil (Sig. = 0,2 > 0,05).

– Résultats pour le groupe céréale-riz :

Les résultats ont montré montre qu'il n'y a pas de relation entre les pourcentages d'attaque et de perte dans les grains de riz (Sig. = 0,2 > 0,05).

IV.2.5 Régression de la variable % A :

Tableau 42. Synthèse de la sélection des variables (Variable % A) :

Nb. de variables	Variables	MCE	R^2	**R^2 ajusté**	AIC de Akaike	SBC de Schwarz
2	Nb.GA*G/Céréale*G.	0,0006	1	**1**	-62,6764	-62,1203

Le meilleur modèle pour le critère de sélection choisi est affiché en bleu
Légende : G= Génération ; Nb.GA= Nombre de Grains Attaqués, *= interaction.

Les 2 p – values (0,0026) et (0,0046) < alpha (0,05), ce qui induit que les influences des générations larvaires sur le nombre de grains attaqués d'une part, et sur le type de céréales d'autre part, sont significativement différentes sur le pourcentage d'attaque des grains de mil et de riz de *C. cephalonica* (tableau 43).

Tableau 43. Analyse Type III Sum of Squares (Variable % A) :

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Nb. GA*Génération	3	136,4464	45,4821	82654,7274	**0,0026**
Céréale*Génération	3	41,7398	13,9133	25284,6099	**0,0046**

Légende : Nb.GA= Nombre de Grains Attaqués, * = coaction

Les effets sont détaillés dans le tableau 44. En fait, les coactions du nombre de grains attaqués avec G0, G1 et (G1+G2) ont des effets positifs significativement différents, tandis que celles de la céréale mil avec G0, G1 et (G1+G2) ont des effets négatifs significativement différents sur le pourcentage d'attaque de *C. cephalonica.*

Tableau 44. Analyse des paramètres de variation du % A :

0	Valeur	Erreur standard	t	**Pr > |t|**	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	-0,0718	0,0779	-0,9225	0,5257	-1,0610	0,9174
Nb. GA*G0	0,1626	0,0034	47,9863	**0,0133**	0,1195	0,2056
Nb. GA*G1	0,0806	0,0004	191,2634	**0,0033**	0,0752	0,0859
Nb. GA*(G1+G2)	0,1388	0,0006	214,3765	**0,0030**	0,1306	0,1470
Céréale-mil*G0	-15,3471	0,4382	-35,0196	**0,0182**	-20,9155	-9,7787
Céréale-mil*G1	-9,4754	0,0895	-105,8220	**0,0060**	-10,6132	-8,3377
Céréale-mil*(G1+G2)	-83,8396	0,5850	-143,3039	**0,0044**	-91,2734	-76,4059

Légende : G0 = Génération 0 ; G1 = Génération 1 ; G2= Génération 2 ; Nb.GA = Nombre de Grains Attaqués, * = interaction

Le graphique des coefficients normalisés (figure 40) résume l'effet des facteurs. Il révèle que ces effets sont positifs et plus importants avec les facteurs Nb.GA*(G1+G2), suivi de ceux Nb.GA*G1 et plus faibles au niveau de Nb. GA*G0. Cependant la céréale mil a un effet négatif sur le %A plus élevé au niveau de céréale-mil*G1, suivi de céréale-mil*G0 et enfin plus faible au niveau de céréale-mil*(G1+G2),

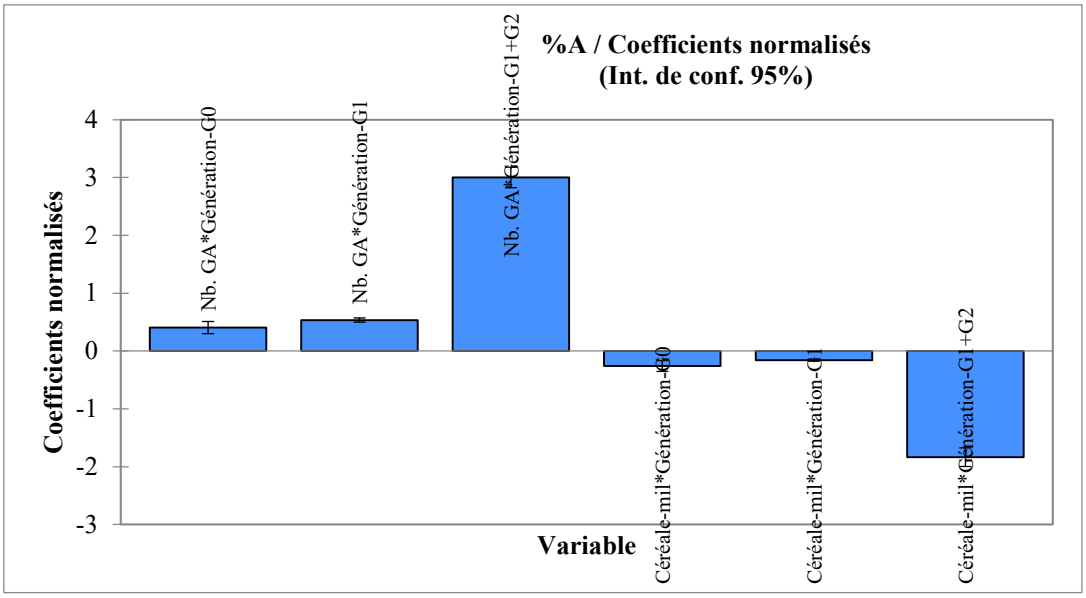


Figure 40. Graphique des coefficients normalisés

En somme, nous pouvons dire qu'il y a un effet des générations larvaires sur le nombre de grains attaqués et qui est positif et significativement diffèrent sur le pourcentage d'attaque ; un effet des générations larvaires sur la céréale mil qui est négatif et significativement différent sur le pourcentage d'attaque.

L'analyse de la figure 41 révèle que le pourcentage d'attaque augmente avec le nombre de grains attaqués. La génération (G1+G2) a le nombre de grains attaqués et le pourcentage d'attaque les plus élevés tandis que la génération G0 a le nombre de grains attaqués et le pourcentage d'attaque les plus faibles. Les différentes générations forment des groupes relativement hétérogènes.

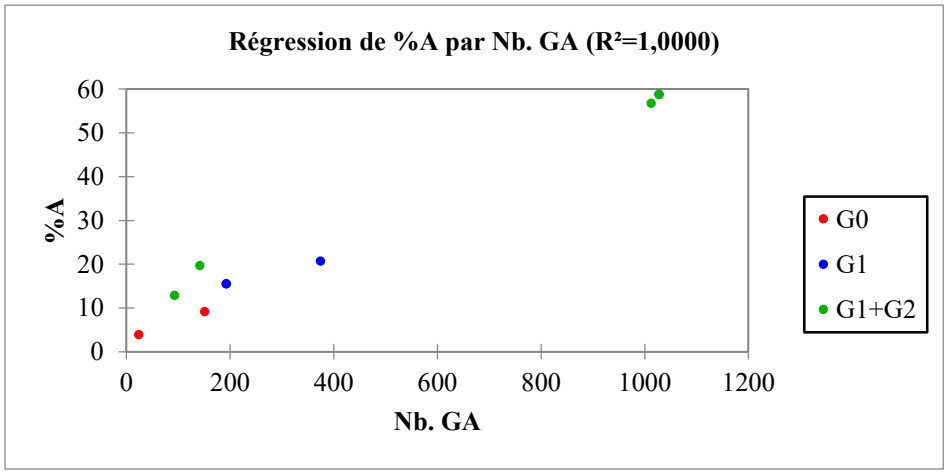


Figure 41. Nuage de points montrant la variation du pourcentage d'attaque en fonction du nombre de grains attaqués et des générations.

– Graphiques des moyennes :

La figure 42b confirme que l'effet génération/céréale sur le pourcentage d'attaque est constant et nul sur la céréale riz. Cependant cet effet est négatif et augmente de G0 à G1 puis diminue de G1 à (G1+G2) au niveau de la céréale mil. Cette évolution n'est pas linéaire et sa baisse de G1 à (G1+G2) pourrait être expliquée par un effet de masse. Cet effet sur le pourcentage d'attaque évolue différemment dans la céréale mil (cf. 42a).

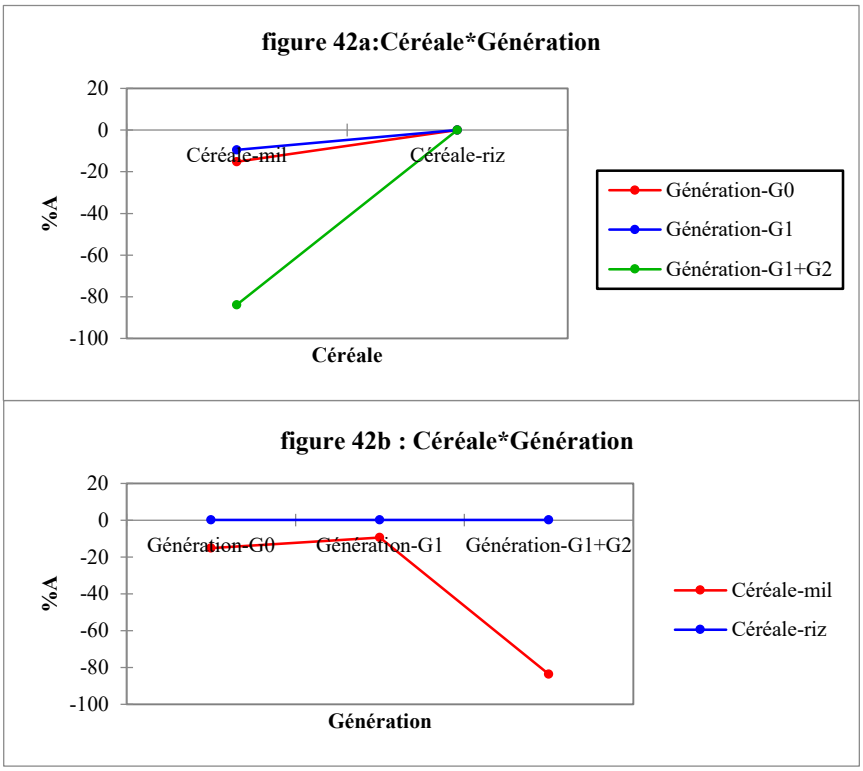


Figure 42. Graphiques des moyennes de variation des effets de l'interaction céréales/générations sur le pourcentage d'attaque

IV.2.6 Statistiques descriptives et comparaison des pourcentages de pertes (% B)

Le pourcentage de perte est quatre fois plus élevé dans les grains de mil que dans ceux du riz, respectivement 8,5950±4,9745% et 2,8600±2,7486%. Ils ne sont pas corrélés (P-value = 0,1124 > 0,05).

IV.2.7 Régression de la variable % B :

Tableau 45. Synthèse de la sélection des variables (Variable % B) :

Nb. de variables	Variables	MCE	R^2	**R^2 ajusté**	AIC de Akaike	SBC de Schwarz
2	PGS (g)*PGA (g) / Céréale*Gén.	0,0002	1	**1**	-71,1163	-70,5602

Le meilleur modèle pour le critère de sélection choisi est affiché en bleu

Légende : PGS = Poids des Grains Sains ; Gén. = Génération ; PGA = Poids des Grains Attaqués, * = coaction.

Les 2 p – values (0,0007) et (0,0048) < alpha (0,05), ce qui induit que les coactions des facteurs poids des grains sains avec le poids des grains attaqués d'une part, les générations avec le type de céréales d'autre part, ont des influences significativement différentes sur le pourcentage de perte de poids en matières sèches causé par *C. cephalonica* (tableau 46).

Tableau 46. Analyse Type I Sum of Squares (Variable % B) :

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
PGS (g)*PGA (g)	1	138,7215	138,7215	724014,4724	**0,0007**
Céréale*Génération	5	23,9617	4,7923	25012,1080	**0,0048**

Légende : PGS = Poids des Grains Sains ; PGA = Poids des Grains Attaqués, * = coaction.

Le tableau du paramètre du model (tableau 47) révèle que les sources (PGS (g)*PGA (g), céréale-mil*G0, céréale-mil*G1, céréale-mil*(G1+G2), céréale-riz*G0 et céréale-riz*G1) ont toutes des p-values inférieures au seuil de signification alpha (0,05), donc elles sont significativement différentes sur le pourcentage de perte de poids en matières sèches des grains de mil et de riz causé par *C. cephalonica.*

Tableau 47. Analyse des paramètres de variation du % B :

Source	Valeur	Erreur standard	t	**Pr > |t|**	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	-11,1734	0,0756	-147,7179	**0,0043**	-12,1345	-10,2123
PGS (g)*PGA (g)	1,1542	0,0063	183,4351	**0,0035**	1,0743	1,2342
céréale-mil*G0	5,9094	0,0380	155,3909	**0,0041**	5,4262	6,3926
céréale-mil*G1	3,0876	0,0188	164,5059	**0,0039**	2,8491	3,3261
céréale-mil*(G1+G2)	-3,1782	0,0727	-43,7441	**0,0146**	-4,1013	-2,2550
céréale-riz*G0	6,9212	0,0536	129,1414	**0,0049**	6,2402	7,6021
céréale-riz*G1	6,8753	0,0250	275,0169	**0,0023**	6,5577	7,1930

Légende : PSG = Poids des Grains Sains ; G0 = Génération 0 ; G1 = Génération 1 ; G2= Génération 2 ; PGA = Poids des Grains Attaqués, * = coaction.

Le graphique des coefficients normalisés (figure 43) a montré que les sources ont des influences positives sauf pour celle Céréale-mil*(G1+G2) qui a une influence négative. Cet aspect négatif de cette source sur le % B serait probablement dû à une surpopulation lors de la deuxième génération.

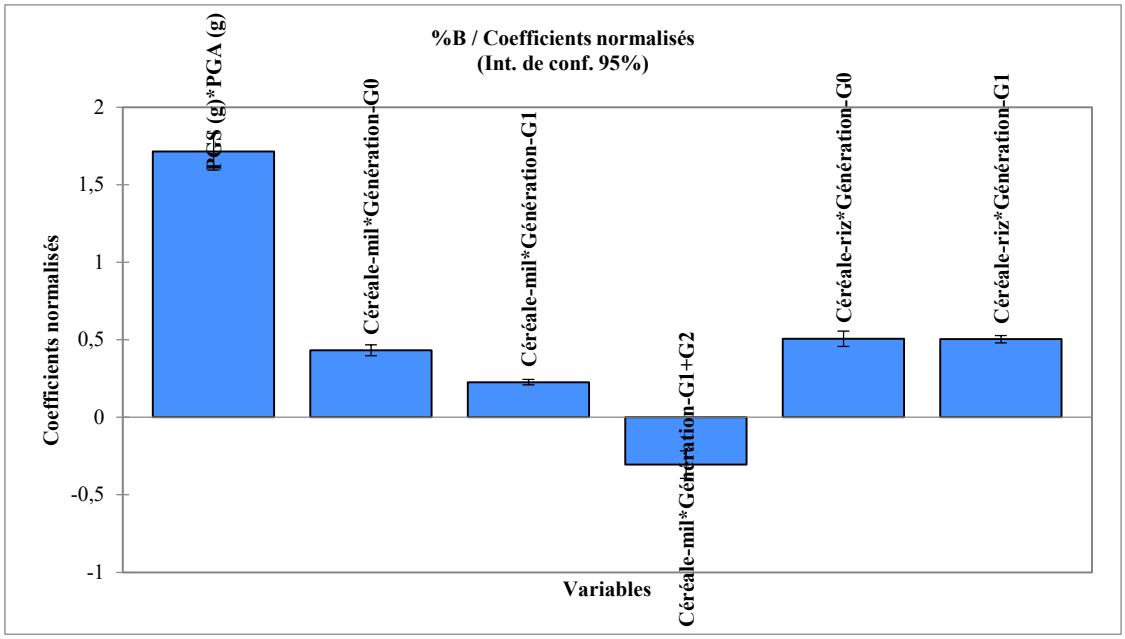


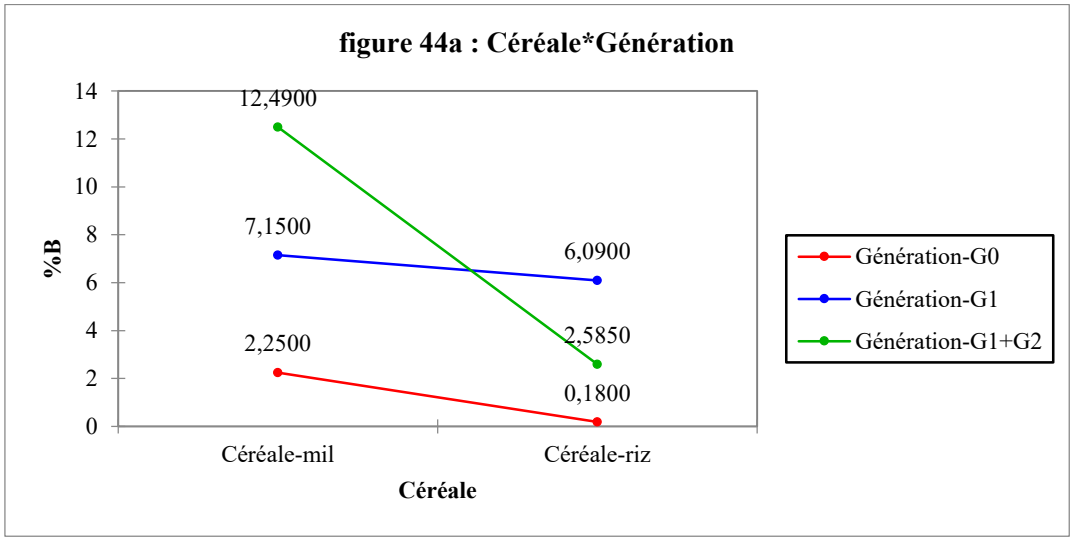
Figure 43. Graphique des coefficients normalisés

L'analyse de la figure 44 montre que dans la céréale mil, la moyenne des influences des actions réciproques céréales*générations sur le pourcentage de perte est plus élevée au niveau de la génération (G1+G2) (12,49 %), suivi de celle de la génération G1 (7,15 %) et plus faible au niveau de la génération G0 (2,25 %).

Sur la céréale riz par contre, cette moyenne est plus importante au niveau de la génération G1 (6,09 %), suivi de celle de la génération (G1+G2) (2,59 %) et plus faible avec la génération G0 (0,18 %) (cf. figure 44a). Notons que toutes les moyennes sont plus élevées dans la céréale mil que dans la céréale riz. L'intersection entre les générations G1 et (G1+G2) traduit un état de conflit de ces générations dans la céréale riz. Ce qui serait probablement dû à un effet de masse survenu lors de la deuxième génération dans la céréale riz et qui est l'inverse de ce que nous avons observé sur le pourcentage d'attaque dans la céréale mil. La figure 44b révélé une évolution croissante et linéaire des effets des coactions céréales*générations sur le pourcentage de perte (allant de G0, G1 à (G1+G2)) dans la céréale mil. Cependant, cette évolution n'est pas linéaire dans la céréale riz ; elle augmente de G0 à G1, puis diminue de G1 à (G1+G2).

Ainsi, nous pouvons parler d'un effet génération seul sur la céréale mil et d'un effet céréale et génération dans la céréale riz.

– Graphiques des moyennes :



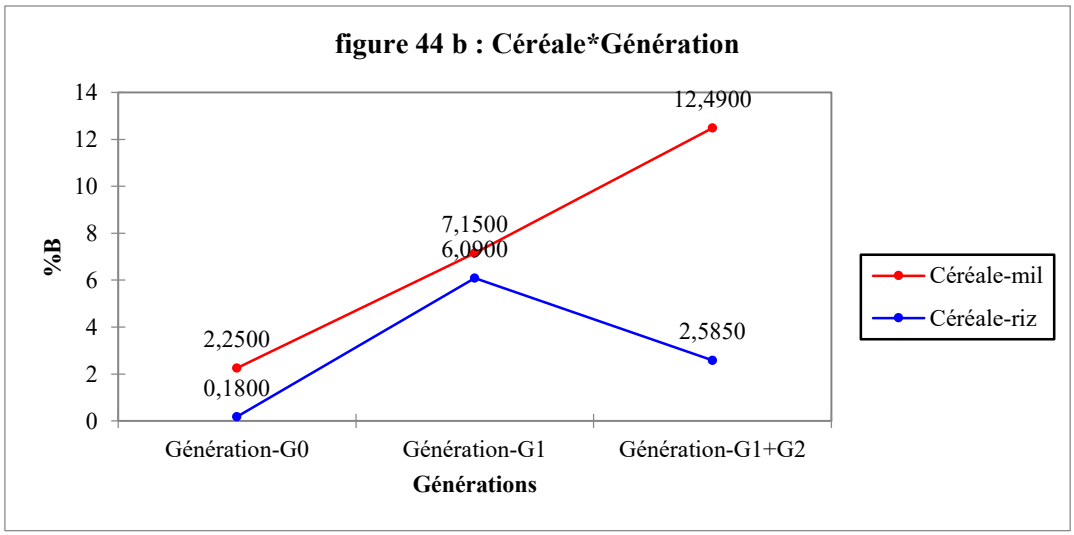


Figure 44. Graphiques des moyennes illustrant les effets des interactions céréales*générations sur le pourcentage de perte en matières sèches.

La figure 45 associée à la synthèse relative à l'effet de l'interdépendance céréales*générations montre que les facteurs évoluent de la même manière en moyenne au niveau du pourcentage d'attaque, mais évoluent différemment au niveau du pourcentage de perte.

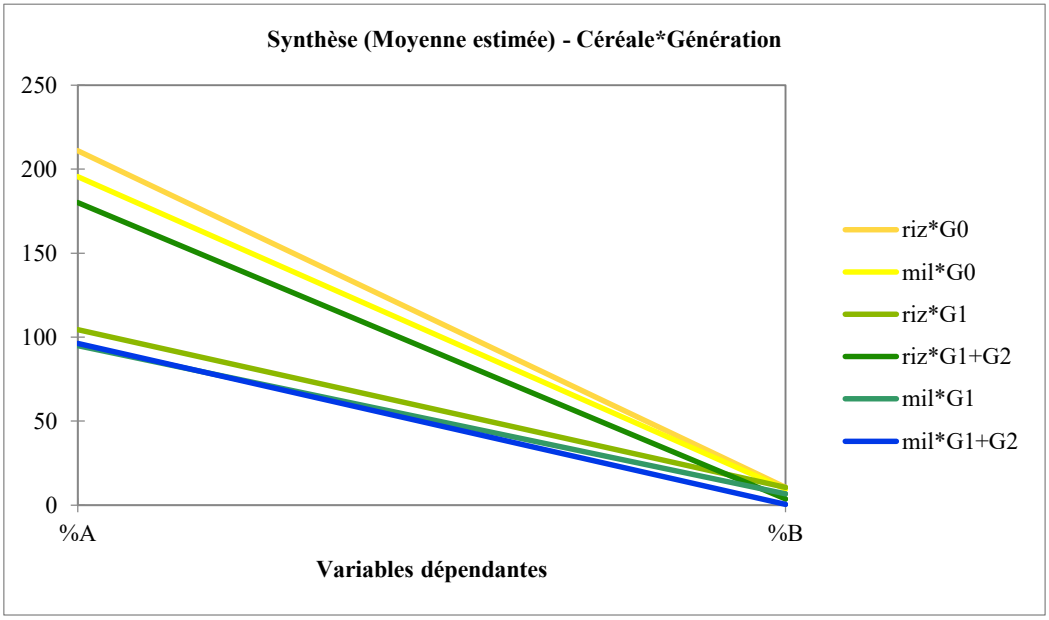


Figure 45. Variations des pourcentages d'attaque et de perte en fonction de l'interdépendance du type de céréales avec les générations.

IV.3 Discussion

Le riz (*Oryza sativa* L.) et le mil (*Pennisetum typhoides* Stapf. et Hubb.), stockés sont attaqués par une large gamme d'insectes dont les identités et les modes d'attaque diffèrent de ceux rencontrés au champ. Ce sont pour la plupart des insectes polyphages attaquant non seulement ces deux céréales en stock, mais aussi d'autres grains entreposés. Parmi ces insectes ravageurs, *Corcyra cephalonica* est sans doute l'un des plus redoutables qui peut entrainer des pertes tant quantitatives que qualitatives importantes pendant le stockage. Dick (1987) rapporte que les larves de *C. cephalonica* sont capables d'endommager les grains intacts et se nourrissent à la surface et à l'intérieur des graines. Ils filent une fibre soyeuse résistante, sanglant ensemble les grains, les excréments et les peaux de larves moulées.

De nos résultats, la teneur en eau *(Te)* est plus élevée sur les grains de riz (10,75 ± 0,4249 %) que sur ceux du mil (9,40 ± 0,3944 %) avec différence très significative (p-value < 0,0001). Ces valeurs sont élevées et peuvent entrainer des pertes considérables lors du stockage.

Selon Alzouma (1990), une étude réalisée au Centre météorologique Agrhymet de Niamey, Kotomgonde en 1978 a montré que pour les céréales la teneur en eau varie de 3 à 5 % dans les greniers en banco, 3 à 6,1 % dans les greniers en paille durant la saison sèche. C'est en saison des pluies que les insectes font des dégâts aux céréales dans les greniers à cause de l'hygrométrie de l'air qui augmente et rend les grains moins durs.

Nos résultats ont montré que le pourcentage d'attaque peut varier de 3,83 à 58,74 % et le pourcentage de perte de 0,18 à 13,37 % pour l'ensemble des deux céréales.

Le pourcentage d'attaque est trois fois plus élevé sur les grains de mil (36,31 ± 25,18 %) que sur ceux du riz (12,95 ± 6,69 %) avec une différence non significative (p-value = 0,296 > 0,05). Une tendance similaire est observée au niveau du pourcentage de perte, qui est quatre fois plus élevé dans les grains de mil (8,67 ± 5,07 %) que dans ceux du riz (2,86 ± 2,75 %) avec une différence non significative (p-value = 0,835> 0,05). Ceci serait dû aux opérations de pilage effectuées sur le grain mil et qui fragiliserait cette céréale si bien que son grain conserve toujours ses enveloppes. Le grain de riz blanc étant polis et lisse, cette texture serait probablement à l'origine de la baisse des pourcentages d'attaque et de perte pour cette céréale. Les résultats de Chougouroul et *al.* (2017) corroborent nos résultats en démontrant que le riz paddy présentait les valeurs les plus élevées avec 8,25% et 6,89% respectivement pour les taux d'attaques et de pertes de poids des stocks. Contrairement au riz décortiqué qui avait présenté les plus faibles valeurs de 1,3% et 0,69%, respectivement pour les taux d'attaques et de pertes de poids. Selon Camara (2009), les adultes survivants des insectes ravageurs se cachent souvent dans les enveloppes. Ce qui appuie notre résultat. Grolleaud, (2002) et Liang et *al*., (1993) mentionnent que pour les céréales, le riz en particulier, les études s'accordent pour estimer un taux de pertes globales d'environ 15 %, avec une variabilité importante entre pays, zones climatiques et procédés. Ce qui signifierait que la pyrale du riz aurait une part importante sur ces 15 % de pertes sur les grains de riz.

Le gène Cyt-b révèle une diversité haplotypique forte (Hd>50%) et une diversité nucléotidique forte (Pi>0,5%) dans les deux populations fonction du substrat alimentaire, une différenciation génétique de 1,4% entre grains et un polymorphisme génétique plus élevé dans les grains de riz que dans ceux du mil. Ce qui pourrait être aussi à l'origine du comportement diffèrent des populations de la pyrale vis-à-vis des grains de mil et de riz.

Par ailleurs, les pourcentages d'attaque et de perte dans les grains ne sont pas corrélés.

Les résultats de l'ANCOVA montrent que les coactions des facteurs nombre de grains attaqués et les générations larvaires d'une part, le type de céréales et les générations larvaires d'autre part, ont des influences significativement différentes sur le pourcentage d'attaque de *C. cephalonica* sur les grains de mil et de riz.

En effet, les interactions du nombre de grains attaqués avec les générations larvaires ont des effets positifs, tandis que celles de la céréale mil avec ces mêmes générations ont des effets négatifs sur le pourcentage d'attaque de *C. cephalonica.*

L'effet de l'interdépendance céréale*génération sur le pourcentage d'attaque est constant et nul sur la céréale riz. Par contre, son évolution n'est pas linéaire et montre un effet de masse survenu lors de la deuxième génération dans les grains de mil. Ce qui nous permet de dire que l'effet de l'interdépendance céréale*génération sur le pourcentage d'attaque évolue différemment dans la céréale mil. Nous pouvons parler ainsi d'un effet génération sur le mil pour le pourcentage d'attaque.

De nos résultats, les coactions des facteurs : le poids des grains sains avec le poids des grains attaqués d'une part, les générations avec le type de céréales d'autre part, ont des influences significativement différentes sur le pourcentage de perte de poids en matières sèches causé par *C. cephalonica.* Ces influences sont positives à l'exception du facteur céréale-mil*(G1+G2) qui a une influence négative.

Cet aspect négatif de cette source sur le % B serait probablement dû à une surpopulation survenue lors de la deuxième génération, comme nous l'avons observé pour le pourcentage d'attaque. Ce même effet est enregistré lors du passage entre les générations G1 et (G1+G2) dans les grains de riz.

Les effets de l'interdépendance céréales*générations sur le pourcentage de perte dans la céréale mil évoluent de maniéré croissante et linéaire, et différemment dans les grains de riz. Ces observations nous permettent de parler, en ce qui concerne le pourcentage de perte, d'un effet génération seul sur la céréale mil et d'un effet céréale et génération dans la céréale riz.

Conclusion

Deux types d'effets ont été notés lors de cette étude : un effet génération sur le mil pour le pourcentage d'attaque et un effet génération et céréale pour le pourcentage de perte de poids sur le riz. Une attention particulière devrait être portée sur l'affinité de la teigne des grains avec les grains de mil, là où le pourcentage d'attaque et les pertes de poids sont plus élevés. L'étude a montré aussi que les conservations de longue durée augmentent les générations du ravageur ainsi que l'effet de l'interaction générations et céréales sur les pertes quantitative et qualitative des denrées stockées, mais aussi la survenue d'un effet de masse sur les populations de l'insecte. La biologie moléculaire de *C. cephalonica* semble expliquer le comportement de ce dernier vis-à-vis des substrats alimentaires mil et riz car le pourcentage de variation moléculaire entre

support alimentaire bien que faible (1,4%) est significatif (F_{ST} = 0,01398), de plus il y a plus de diversités haplotypique et nucléotidique dans le riz que dans le mil (riz : Hd = 0,989 +/- 0,00007 et Pi = 0,02923 +/- 0.01458 ; mil : Hd = 0,944 +/- 0,00092 et Pi = 0,0285 +/- 0.01426).

CONCLUSION GENERALE, RECOMMANDATIONS ET PERSPECTIVES

Conclusion générale, recommations et perspectives

Le stockage des produits vivriers assure leur disponibilité tout au long de l'année et permet en même temps une semence de qualité pour la saison suivante. Cependant, cette conservation connait des contraintes abiotiques et biotiques dont les plus déterminantes pour ces dernières sont liées aux insectes ravageurs. *Corcyra cephalonica* est le second déprédateur le plus redoutable après les coléoptères au Sénégal. Une autosuffisance alimentaire et une bonne production agricole nécessite une meilleure connaissance dudit ravageur permettant un contrôle intégré de cet insecte. Cette étude avait comme objectif la détermination de la bio-écologie et de la génétique de cet insecte nuisible en fonction de l'aliment mais aussi des zones agro-écologiques différentes.

Les résultats ont montré que la durée moyenne du cycle de développement de *C. cephalonica* est plus longue dans les grains de mil que dans ceux du riz. Ainsi, le type de substrat alimentaire a un effet significativement différent sur les paramètres : durée des stades immatures et mature, l'activité de pontes des mites féminines et la taille de l'insecte. Un effet céréale, un effet sexe, un effet d'influence du sexe sur la céréale et un effet zone, significativement différents, ont été notés aussi sur les paramètres biologiques.

En plus de l'effet de l'aliment, une étude génétique utilisant le marqueur mitochondrial du cytochrome b a été réalisée. Les résultats ont montré qu'il y a 73 haplotypes de *C. cephalonica* au Sénégal dont 68 sont individuels. Une forte diversité haplotypique est notée dans la population globale notamment au niveau du centre du bassin arachidier et du delta du fleuve Sénégal. L'étude a dévoilé que la population totale est en équilibre démographique (stable) et que l'existence de l'aspect écotype est avérée avec un isolement par la distance (IBD). D'autre part, une faible différenciation génétique existe selon le test AMOVA entre les populations en fonction du support alimentaire ; ce qui nous pousse à relativiser sur l'existence de l'aspect biotype. Ainsi, les effets zone et support alimentaire sur la bio-écologie de *C. cephalonica* semblent être confirmés par la différenciation génétique de ses différentes populations.

Par ailleurs, les résultats ont montré un effet génération sur le mil pour le pourcentage d'attaque et un effet génération et céréale pour le pourcentage de perte de poids sur le riz. Il a été noté que les conservations de longue durée augmentent les générations du ravageur ainsi que l'effet de l'interaction générations et céréales sur les pertes quantitative et qualitative des denrées stockées, mais aussi la survenue d'un effet de masse sur les populations de l'insecte. Ces pertes sont plus importantes dans les grains de mil que de ceux du riz. En guise de perspective, il serait important :

– D'éviter de stocker des céréales de natures différentes dans un même entrepôt afin de réduire la diversité génétique des populations de *C. cephalonica* ;

– Les céréales stockées au niveau du DFS devraient être conservées/transformées sur place afin de réduire le transfert des gènes et de limiter du coup les infestations d'autres zones agro-écologiques ;

– D'élargir l'échantillonnage des différentes céréales et comparer le cycle de développement des populations de *C. cephalonica* inféodées dans ces dernières

– D'échantillonner dans les autres zones agro-écologiques du pays et dans la sous-région pour étudier la structuration génétique de l'insecte en fonction de ces zones et en fonction de la nature de l'aliment.

– D'étudier plus profondément l'aspect biotype et en même temps confirmer davantage l'aspect écotype avec des marqueurs nucléaires comme les microsatellites ou ITS pour prendre en compte toutes les informations venant des côtés matrilinéaire et patrilinéaire.

– De caractériser d'autres populations de lépidoptères inféodées aux stocks de céréales et comparer leurs comportements biologiques et moléculaires avec ceux de *C. cephalonica*.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Références bibliographiques

1 Acevedo, R. and R. Aviles. (1985). Ability of *Corcyra cephalonica* (Galleriidae: Lepidoptera) to infest stored rice. *Rev. Appl. Ent.* 73(1): 50.

2 Achaz, G. (2002). Etude de la dynamique des génomes : les répétitions intrachromosomiques. Thèse de doctorat de l'université pierre & marie curie (Paris VI). 230p.

3 Adams, J.M. and Schulten, G.G.M. (1978). Pertes causées par les insectes, les acariens et les micro-organismes. In: Harris, K.L. and Lindblid, C.J., Eds., Post Harvest grain Loss Assessment Methods, St. Paul, 83-89.

4 Alam, M. Z. (1971). Pests of Stored Grain and other Stored Products and their Control. Agric Inf. Serv., 3, R.K. Mission Road, Dacca-3, Pp. 23-24.

5 Alam, M.Z. (1965). Insect Pests of Rice in East Pakistan and their Control (Rev. ed.). Agric. Inf. Serv., 3, R.K. Mission Road, Dacca-3, P. 62.

6 Allotey J, Azalekor W. (2000). Some aspects of the biology and control using botanicals of the rice moth, *Corcyra cephalonica* (Stainton), on some pulses. *Journal of Stored Product Research.* 36 : 235-243.

7 Alzouma I. (1990). Situation de la post-récolte en Afrique sahélienne. In : La post-récolte en Afrique. Actes du Séminaire International. [En ligne]. Abidjan. p. 22-28. Disponible sur : https://bibliotheque.auf.org/doc_num.php?explnum_id=383.

8 Andrewartha H. G. and Birch L. C. (1954). The Distribution and Abundance of Animals. *The University of Chicago Press.* 31-205.

9 Andrewartha, H. G. and L. C. Birch, (1954). The Distribution and Abundance of Animals. *The University of Chicago Press.* Pp. 31-205.

10 Ashwani Kumar S, Maninder S and Brar KS. (2002). Development of *Corcyra cephalonica* (Stainton) on different foods. M. Sc. Thesis. *Punjab Agriculture University, India*.

11 Avasthy, P.N. (1962). Biological control of the insect pest of sugarcane. Indian sugar 12 : 345-358.

12 Avice, M.N., Rubio, M., Sergerie, M., Delespess, G & Sarfati, M. (2000). CD47 ligation selectively inhibits the development of human naive T cells into Th1 effectors. *Journal of Immunol,* 165 : 4624-4631.

13 Avise J. C., (2000): Phylogeography: the history and formation of species. *Harvard University Press, Cambridge, MA.*

14 Avise J. C., (2004): Molecular markers, natural history, and evolution, 2nd edn. Sinauer, Sunderland, MA.

15 Avise J. C., (2009): Phylogeography: retrospect and prospect. *Journal of Biogeography*, (36) : 3–15.

16 Avise, J.C. (1974). Systematic value of electrophoretic data. *Systematic Zoology*, 23 : 465-481.

17 Avise, J.C., Arnold, J., Ball, M.R., Bermingham, E., Lamb, T., Neigel, J.E., Reeb, C.A. & Saunders, N.C. (1987). Intraspecific Phylogeography: The Mitochondrial DNA Bridge between population genetics and systematics. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 18 : 489-522.

18 Ayyar, P.N.K. (1934). A very destructive pest of stored products in South India, *Corcyra cephalonica* (Stain.). *Bull. Ent. Res*. 25(2) : 155-169.

19 Ba A. et *al*., (2005). L'arachide. In : Bilan de la Recherche Agricole et Agroalimentaire au Sénégal. Dakar : Institut Sénégalais de Recherches Agricoles (ISRA), Institut de Technologie Alimentaire (ITA), CIRAD, 163-188.

20 Balasubramanian V., Sie M., Hijmans R.J., Otsuka K. (2007). Increasing rice production in sub-Saharan Africa: challenges and opportunities. *Advances in agronomy*, 94 : 55-133.

21 Ballard, J.W.O. & Whitlock, M.C. (2004). The incomplete natural history of mitochondria. *Molecular Ecology*, 13 : 729-744.

22 Bandelt HJ, Forster P, Röhl A (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 16 : 37-48.

23 Bardenas E.A. & T.T. Chang, (1966). Morpho-taxonomic studies of *Oryza glaberrima* Steud. and its related wild taxa, *O. breviligulata* A. Chev. and Roehr. and *O. stapfii* Roschev. Bot. Mag. Tokyo 79: 791-798.

24 Beaumont M. A. (2010). Approximate Bayesian computation in evolution and ecology. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 41: 379–406.

25 Becker M., Johnson D.E. (1999). Rice yield and productivity gaps in irrigated systems of the forest zone of Côte d'Ivoire. *Field Crops Research*, 60: 201-208.

26 Beebee, T.J.C. and Rowe, G. (2004). An introduction to molecular ecology. *Oxford University Press, New York.* 346p.

27 Benzalah M. K. (2015). Evaluation des caractéristiques biologiques d'*Ectomyelois ceratoniae* (Zeller, 1839) (Lepidoptera, Pyralidea) dans les conditions naturelles et contrôlées. Stockage, conservation et lutte. Thèse en Sciences agronomiques. Faculté des Sciences exactes et des sciences de la nature et de la vie de l'université Mohamed Khider Biskra d'Algérie. 129p.

28 Bezançon B., Renno J.F. et Kumar K.A. (1985). Le mil. In : *Cultures vivrières tropicales avec références au Cameroun*. Westphale E. et *al*., PUDOC Wageningen (Pays Bas), ISBN 90-220-0845-2, pp.5-24.

29 Bezançon G. (1995). Riziculture traditionnelle en Afrique de l'Ouest : valorisation et conservation des ressources génétiques. In : Journal d'agriculture traditionnelle et de botanique appliquée, 37e année, bulletin n°2,1995. pp. 3-24.

30 Bezançon G. (1994). Le riz cultivé d'origine africaine *Oryza glaberrima* Steud. et les formes sauvages et adventices apparentées : diversité, relations génétiques et domestication, T.D.M. n° 115, 232 p., ORSTOM Editions. Camus A. & P. Viguier, 1932.- Riz flottants du Soudan, *Rev. Bot. Appl*., 17 (3) : 201- 203.

31 Bezançon, G. & Pham, J.L. (2004). Ressources génétiques des mils en Afrique de l'ouest : diversité, conservation et valorisation : actes de l'atelier « diversité, conservation et valorisation des ressources génétiques des mils ». Colloques et séminaires. 185 p.

32 Bezançon, G., Renno, J.F. & Kumar, K.A. (1997). L'amélioration des plantes locales. 482p.

33 Bhandari G, Regmi R. (2014). Effect of different diets on body length, adult lifespan and biomass of *Corcyra cephalonica* (Stainton) under laboratory condition in Chitwan, Nepal. *Int. J. Res.*, 1 : 1432-1436.

34 Bhubaneshwaridevi M, Victoria Devi N, Rita Devi S, Ranabir Singh P. (2013). Biology and morphometric of rice moth, *Corcyra cephalonica*. *Ann. Pl. Protect. Sci*., 21(1) : 87-89.

35 Bonnet, I. (2007). Mécanismes de diffusion facilité de l'enzyme de restriction EcoRV. Thèse de doctorat de l'université paris 6. 136p.

36 Boore J.L. (1999). Animal mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research*. 27 : 1767-1780.

37 Boore, J.L. (1999). Animal mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research*, 27 (8) : 1767-1780.

38 Boursot, P. & Bonhomme, F. (1986). Génétique et évolution du génome mitochondrial des Métazoaires. *Genetics Selection Evolution*, 18 (1) : 73-98.

39 Cadapan, E.P. (1998). *Trichogramma* mass production in the Philippines. *Rev.Appl. Ent.* 77(5) : 3-43.

40 Camara, A. (2009). Lutte contre *Sitophilus oryzae* L. (Coleoptera : Curculionidae) et *Tribolium castaneum* Herbst (Coleoptera : Tenebrionidae) dans les stocks de riz par la technique d'étuvage traditionnelle pratiquée en basse guinée et l'utilisation des huiles essentielles végétales. Université du Québec à Montréal thèse de Doctorat en sciences de l'environnement.

41 Cariou, M.L. (1986). Systématique biochimique et évolution. Cahier de biologie Marine Tome XXVIII.

42 Carpenter A.J. (1978). The history of rice in Africa. In: Rice in Africa, Buddenhagen I.W., Persley G.J. (éd.). *Academic Press*, Londres, p. 3-10.

43 Castillo, E. et Buell, C.R. (2013). *Les défis bioinformatiques dans l'assemblage de novo transcriptome en utilisant de courtes séquences de lecture en l'absence d'une séquence génomique de référence.* Góngora-, *Natural Product Reports*, vol. 30 (4), pp. 490-500.

44 CGER. (2014). Vallée-Analyse économique-Les exploitations agricoles familiales du Sénégal. 15p.

45 Chaitanya, R.K., Dutta-Gupta, A. (2010). Light chain fibroin and P25 genes of *Corcyra cephalonica:* Molecular cloning, characterization, tissue-specific expression, synchronous developmental and 20-hydroxyecdysone regulation during the last instar larval development. *General and Comparative Endocrinology.* 167, 113–121.

46 Chantereau J., Hekimian C.L., Marchand J.L., Ouendeba B. (2002). Les céréales. In: *Mémento de l'agronome*. CIRAD-GRET, ISBN: 2-86844-129-7 et 2-87614-522-7 pp. 777-829.

47 Charnov E.L. and Skinner S.W. (1985). Complementary approaches to the understanding of parasitoid oviposition decisions. *Environnemental Entomology.* 14 : 383-391.

48 Chaudhuri N. and Senapati S.K. (2017). Development and reproductive performance of rice moth *Corcyra cephalonica* Stainton (Lepidoptera: Pyralidae) in different rearing media, *Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences*. 16, (4) : 337-343.

49 Chaudhuri, N., Senapati, S.K. (2015). Development and reproductive performance of rice moth *Corcyra cephalonica* Stainton (Lepidoptera: Pyralidae) in different rearing media. *Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences* : 16, 337–343.

50 Chevalier A. (1932). Nouvelle contribution à l'étude systématique des *Oryza*, *Rev. Bot. Appl*. 136 : 1014-1032.

51 Chevalier A. (1937). Sur les riz africains du groupe *Oryza glaberrima*, *Rev. Bot. Appl*., 190 : 413-418.

52 Chittenden, F.H. (1911). Papers on insects affecting stored products. The lesser grain borer. The larger borer. *Bull. Bur. EnL* U.S.D.A. 96: 29-52.

53 Chougourou D.C., Ahoton L. E., Adjou E.S., Zoclanclounon A.B. et Kpoviessi1 D.A. (2017). Entomofaune et évaluation des dégâts des insectes ravageurs de différentes formes de conservation du riz (*Oryza sativa* Linné) au Sud-Bénin. *Bulletin de la Recherche Agronomique du Bénin (BRAB).* 82 : 49-58.

54 Chu-Yaui, Tu-Menping and Cheng-Wenyi. (1994). Effect of photoperiodism on the larval development, adult emergence and fecundity of the rice moth, *Corcyra cephalonica* (Stain.) (Galleriidae: Lepidoptera) at constant temperature. *Ent. Abst*. 25(6): 74.

55 Coates BS, Sumerford DV, Hellmich RL, Lewis LC. (2005). Partial mitochondrial genome sequence of *Ostrinia nubilalis* and *Ostrinia furnicalis*. *International Journal of Biological Sciences.* 1: 13-18.

56 Coelho MB, Marangoni S, Macedo MLR. (2007). Insecticidal action of *Annona coriacea* lectin against the flour moth *Anagasta kuehniella* and the rice moth *Corcyra cephalonica* (Lepidoptera: Pyralidae). Comparative Biochemistry and Physiology, Part C: *Toxicology and Pharmacology*. 146: 406-414.

57 Coly E.V. (2007). Accent renforcé sur les céréales et légumineuses. *Agrovision*, 3, 31-32.

58 Coyaud Y. (1950). Le riz. Etude botanique, génétique, physiologique, agrologique et technologique appliquée à l'Indochine, Archives de l'Office Indochinois du Riz, n°3, 312p.

59 Crawley, M.J. (2007). The R book. Chichester, U.K. John Wiley and Sons, Ltd.

60 Cyr F. (2012). Les impacts de la dispersion historique sur la variabilité génétique à différentes échelles spatiales : connaître l'histoire pour mieux comprendre le présent. Thèse de Doctorat d'Etat ès Sciences Université de Montréal (Canada), 141p.

61 Dabré, E.E. (2008). Inventaire et importance des insectes ravageurs du mil, *Pennisetum glaucum* (Leek) R. Br. en zone Sahelienne du Burkina Faso. Diplôme d'ingénieur du développement rural, Université polytechnique de Bobo-Dioulasso. 64p.

62 Damara M, Gullipalli D, Dutta-Gupta A. (2010). Cloning and expression of fat body hexamerin receptor and its identification in other hexamerin sequestering tissue of rice moth, *Corcyra cephalonica*. *Journal of Insect Physiology* 56 : 1071-1077.

63 Darriba D., Taboada G.L., Doallo R. and Posada D. (2012). JModelTest 2 : more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods.* 9 (8), 772p.

64 De Meeûs, T. (2011). Initiation à la génétique des populations naturelles : Aplications aux vecteurs et à leurs parasites. IRD, 335p.

65 DE Meeûs, T. (2012). Initiation à la génétique des populations naturelles : Applications aux parasites et à leurs vecteurs. Nouvelle édition [en ligne]. Marseille : IRD Éditions.16p.

66 Devaraj, K.C. and P.B. Mookherjee. (1966). Effect of oilseeds food on the biology of *Tribolium castaneum* H., *Trogoderma granarium* Everts and *Corcyra cephalonica* (Stain.) and their susceptibility to pyrethrins. *Ind. J. Ent*. 28(2): 234-240.

67 Dia, C.A.K.M. (2013). Evolution démographique des populations de *Tribolium castaneum* Herbst (Coleoptera : Tenebrionidae) et leur structuration génétique en fonction des infrastructures de stockage du Sénégal. Mémoire de Master.Université Cheikh Anta Diop de Dakar. 30p.

68 Diangar, S. (1990). Agronomie/ Programme mil. Rapport de synthèse. 16p.

69 Dick K.M. (1987). Losses caused by insects to groundnut stored in a ware house of India. *Trop. Sci.* 27(2) : 65-75.

70 Dieng A. (1998). "Cereal Supply and Demand in Senegal, 1960-95: Implications For Food Self- Sufficiency", MS thesis in Agricultural Economics, Tuskegee University, May 1998.

71 Diome T., Ndong A., Kébé K., Thiaw C., Ndiaye A., Doumma A, Sanon A., Kétoh G. and Sembène M. (2013). Effect of agro-ecological zones and contiguous basin crops of groundnut (Arachis hypogaea) on the structuring and genetic diversity of *Caryedon serratus* (Coleoptera: Chrysomelidae, Bruchinae) in the sub-region of West Africa. *Journal of Asia-Pacific Entomology* .16 : 209–217.

72 Diome, T. (2014). Biodémographie et diversité génétique des populations de *Tribolium castaneum* Herbst (Coleoptera, Tenebrionidae) ravageur des grains de mil (*Pennisetum glaucum* Brown) en stock au Sénégal. Thèse de Doctorat, Université Cheikh AntaDiop de Dakar (Sénégal), 206p.

73 Diome, T., Ndiaye, A., Ndong, A., Doumma, A., Sanon, A., Ketoh, G.K. & Sembène, M. (2011). Genetic identification of West African ecotypes of the groundnut seed beetle *Caryedon serratus* Ol. (Coleoptera, Chrysomelidae). *South Asian Journal of Experimental Biology*, 1 (2) : 88-93.

74 Diome, T., Thiaw, C., Sarr, M., Ndong, A., Kane, M., Cissé, N. & Sembène, M. (2013). Genetic diversity of *Tribolium castaneum* (Herbst) population in storage infrastructures and agro ecological zones in Senegal. *International Journal of Biosciences*, 3 (9) : 248-258.

75 Diouf T. and FALL A. (2005). Le Riz. In : Bilan de la recherche agricole et agroalimentaire au Sénégal. ITA-ISRA-CIRAD. 237-244.

76 Do Ti Khanh H. (2005). *Anisopteromalus calandrae* : un modèle pour l'étude du succès reproducteur des males. Thèse Doctorat. Ecology, environnement. Université François Rabelais. Tours Ecole Doctorale : Santé et Technologies. France., 152p.

77 Doutremepuich, C. (1998). Données récentes sur les empreintes génétiques. *La revue Experts*. N° 40. 11p.

78 Drury, D.W., Ashley, L.S. & Michael, J.W. (2009). Genetic differentiation among wild populations of *Tribolium castaneum* estimated using microsatellite markers. *Journal of Heredity*, 100 (6) : 732-741.

79 Dujardin, J.P. & Tibayrenc, M. (1985). Etude de 11 enzymes et données de génétique formelle pour 19 loci enzymatiques chez *Triatoma infestans* (Hemiptera : Reduviidae). *Annale de la Société Belge de Médecine Tropicale*. 65 : 271-280.

80 Duminil J., (2006) : Etudes Comparatives de la Structure Génétique des Plantes. Thèse de doctorat. Université Henri Poincaré, Nancy I (France), 215p.

81 El Guilli M.J.A., Milazzo J., Adreit H., Ismaili M., Farih A.R, Lyamani A., Notteghem J.L., Tharreau D. (2000). Évaluation de la résistance à la pyriculariose des variétés de riz utilisées au Maroc. *Al Awamia*, 102 : 73-81.

82 Epaulard A. (1980). Traduction de : Description de l'Afrique nouvelle de Jean-Léon l'Africain, *Librairie d'Amérique et d'Orient*, Paris, Maison neuve.

83 Estoup, A., Wilson, I.J., Sullivan, C., Cornuet, J.M. & Moritz, C. (2001). Inferring population history from microsatellite and enzyme data in serially introduced cane toads, Bufomarinus. *Genetics*, 159 : 1671-1687.

84 Excoffier L. and Heckel G. (2006). Computer programs for population genetics data analysis: a survival guide. *Nat Rev Genet.* (7): 745–758.

85 Excoffier L., Smouse, P.E. and Quattro, J.M. (1992). Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*. 131: 479-491.

86 FAO. (1993). Le maïs dans la nutrition humaine, N0 T0395, version 25.

87 FAO. (2003). Rice Irrigation in the Near East: Current Situation and Prospects for Improvement.

88 FAO. (1992). L'après-récolte des grains : organisation et techniques. In : Bulletin des services agricoles de la FAO 93. Rome. 1-10.

89 FAOSTAT. (2016). Rice production, area, and productivity of rice.

90 Forshew, T., et *al.* (2012). Identification non invasive et surveillance des mutations cancéreuses par séquençage profond ciblé de l'ADN plasmatique. *Cancer Genomics*, vol. 136.

91 FOUA-BI K et Philogene B. (1990). La post récolte en Afrique. *Presse universitaire de Mon-tréal Canada*. 276p.

92 Fu Y-X. (1997). Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics*, 147: 915-925.

93 Gagnon A.E. (2005). L'écologie moléculaire : l'intégration du moléculaire en entomologie, futilité ou panacée. *Bulletin de la société d'entomologie du Québec. Antennae.* Vol. 12, n° 3. 4p.

94 Galtier N., Nabholz B., Glémin S., & Hurst G. D. D. (2009). Mitochondrial DNA as a marker of molecular diversity: a reappraisal. *Molecular Ecology*, 18(22), 4541–4550.

95 Gaspar J.C.W., López-Uribe M.M. & Lama M.A.D. (2007). Allozyme variation and sociogenetic structure of *Polistessatan bequaert* 1940 colonies (Hymenoptera, Vespidae). *Genetics and Molecular Biology*. 30 (2): 470-474.

96 Gaye M. et V. Kelly. (1996). "L'Utilisation des Terres Agricoles dans le Bassin Arachidier du Sénégal : facteurs déterminants des combinaisons culturales et des systèmes de rotations", ISRA/URR, Sud Bassin Arachidier.

97 Grant W.S., Clark A.M. and Bowen B.W. (1998). Why restriction fragment length polymorphism analysis of mitochondrial DNA failed to resolve sardine (*Sardinops*) biogeography: insights from mitochondrial DNA cytochrome b sequences. *Can. J. Fish. Aquat. Sci*. 55 : 2539–2547.

98 Greenbaum G., Templeton A. R., Zarmi Y. and Bar-David S. (2014). Allelic richness following population founding events: a stochastic modeling framework incorporating gene flow and genetic drift. *PLoS ONE*. 9 (12): 115-203.

99 Grivet D. (2002). Phylogéographie et évolution moléculaire comparée d'arbres forestiers à l'aide des marqueurs chloroplastiques. Thèse. Université de Nancy I. France.

100 Grolleaud M. (2002). Post-harvest losses: discovering the full story. Overview of the phenomenon of losses during the post-harvest system. Rome, Italy: FAO, Agro Industries and Post-Harvest system.

101 Gueye A.C., Diome T., THIAW C., Sembene M. (2015). Évolution des paramètres biodémographiques des populations de *Tribolium castaneum* H. (Coleoptera, Tenebrionidae) inféodé dans le mil (*Pennisetum glaucum* Leek) et le maïs (*Zea mays* L.). *Journal of Applied Biosciences*. 90 : 8355– 8360. ISSN 1997–5902.

102 Guèye M.T., Seck D., Wathelet J-P., Lognay G. (2011). Lutte contre les ravageurs des stocks de céréales et de légumineuses au Sénégal et en Afrique occidentale : synthèse bibliographique. *Biotechnol.Agron. Soc. Environ.*, 15(1): 183-194.

103 Gullipalli D., Arif A., Aparoy P., Svenson G.J., Whiting M.F., Reddanna P., Dutta-Gupta A. (2010). Identification of a developmentally and hormonally regulated Delta-Class glutathione S-transferase in rice moth *Corcyra cephalonica*. Comparative Biochemistry and Physiology, Part B: *Biochemistry and Molecular Biology*. 156: 33-39.

104 Hall, T. (2001). BioEdit version 5.0.6. Département of Micribiology, North Carolina State University.

105 Han G.Y., Lang J., Sun Y., Wang Y.Y., Zhu Y.Y., Lu B.R. (2016). Intercropping of rice varieties increases the efficiency of blast control through reduced disease occurrence and variability. *Journal of Integrative Agriculture*, 15 : 795-802.

106 Head S.R., et *al.* (2014). Construction de bibliothèques pour le séquençage de la prochaine génération : Aperçus et défis. *BioTechniques*, vol. 56(2), p. 61-77.

107 Hemchandra O. and Singh T.K. (2015). Life table, stable age distribution and life expectancy of *Plutella xylostella* on *Brassica juncea rugosa*. *Annals of Plant Protection Sciences*. 13: 119-123.

108 Heppner J.B. (1991). Faunal regions and the diversity of Lepidoptera. *Tropical Lepidoptera.* 2(1): 1-85.

109 Hewitt G.M. (2001). Speciation, hybrid zone and phylogeography or seeing genes in space and time. *Molecular Ecology*, 10: 537-549.

110 Hoy M.A. (2003). Insect molecular genetics: an introduction to principles and applications. 2nd ed. *Academic Press*, California. 544p.

111 Huelsenbeck J.P. and Ronquist F. (2001). Mrbayes: Bayesian inference of phylogenetic trees. *Bioinformatics*, (17) : 754-755.

112 Huyghe J.R. et *al.* (2013). L'analyse du tableau d'Exome identifie de nouvelles variantes de loci et de basse fréquence pour le traitement et la sécrétion d'insuline. 2, s.l. : *Nature Genetics*, vol. 45, pp. 197-201.

113 Ibn Battûta. (1982). Voyages, Vol. Ill, Chap. 5 : Le voyage au Soudan, Traduction de l'arabe de C. Defremery et B.R. Sanguinetti (1958), Paris, Editions La Découverte.

114 Imelfort M. et Edwards D. (2009). Séquençage de de novo des génomes végétaux à l'aide de technologies de deuxième génération., 6 s.l. : *Briefings in Bioinformatics*, vol. 10, p. 609-618.

115 IRD. (2009). Le mil, aliment du futur au Sahel. Actualité scientifique, fiche n°35.

116 Ishwar S.K., Chandgi R. & Ashok K.C. (1990). Pearl millet seed production and technology. Department of Plant breeding. Haryana Agricultural University Hisar Manochar, ISBN 81-854-25-08-6, 224 p.

117 ISRA-KARTHALA. (2010). L'agriculture sénégalaise à l'épreuve du marché. 395p. Kafka F. (2009). The beetle book. Edité par Grégor Bucher. Version 1-2. 34p.

118 Jagadish P.S., Nirmala P., Rashmi M.A., Hedge J.N. and Nangia N. (2009). Biology of rice moth, *Corcyra cephalonica* (Stainton) on foxtail millet *Setaria italica* (L.). *Karnataka Journal of Agricultural Science*. 22: 674 - 675.

119 Joseph R.M., Devineni A.V., King I. F.G. and Heberlein U. (2009). Oviposition preference and positional avoidance of acetic acid provide a model for competing behavioral drives in *Drosophila*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America.* 27 : 11352-11357.

120 Kébé K. (2013). Diversité génétique, histoire évolutive et bioécologie de *Callosobruchus maculatus* F. (Coleoptera, Bruchinae) ravageur de graines de niébé (*Vigna unguiculata* Walp). Thèse de Doctorat en Génétique des Populations, Université Cheikh Anta Diop de Dakar (Sénégal), 110p.

121 Khush G.S. (1997). Origin, dispersal, cultivation and variation of rice. *Plant Mol. Biol.*, 35 : 25-34.

122 Khush G.S. (2013). Strategies for increasing the yield potential of cereals: case of rice as an example. *Plant Breeding*, 132 : 433-436.

123 Kimura M. (1980). A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*. (16): 111-120.

124 König, C. (2012). Céréale: millet et sorgho, le mil. Futura-Sciences, 17p.

125 Kumar A., Shenhmar M., Brar K.S. (2002). Development of *Corcyra cephalonica* (Stainton) on different foods. *Journal-Research-Punjab-Agricultural-University*. 39(2): 218-220.

126 Kumar S., Mumtaz R., Maurya R.P., Ahmad T., Singh S.V., Khan M.A. (2007). Life cycle of predatory by *Corcyra cephalonica*. *Annals of Plant Protection Sciences*. 15 :124-126.

127 Kumar S. A. and Shenhmar M. (2001). Utilization of different cereal grains for the mass production of *Corcyra cephalonica* (Stainton) (Lepidoptera: Pyralidae). *J. Biol. Control.* 15 (2) : 147-150.

128 Labeyrie V., (1992). Problèmes fondamentaux posés par les insectes des denrées. In : Foua-Bi K. & Philogène B.J.R., éds. Actes du séminaire international à Abidjan, Côte d'Ivoire, 29 janvier-1 février 1992, 9-14.

129 Lacy R. C., (1987). Loss of genetic diversity from managed populations: interacting effects of drift, mutation, immigration, selection, and population subdivision. *Conservation biology*. (1): 143-158.

130 Lamrani N., EL Abdellaoui F., Touhami A.O., Benkirane R., Badoc A., Douira A. (2012). Effet in vitro et in vivo du tricyclazole sur trois pathogènes du riz. Bull. Soc. Pharm. Bordeaux, 85-104.

131 Laporte du Theil. (1819). Traduction de Géographie de STRABON, Tome V, Livre XVII, Paris, Imprimerie Royale.

132 Le Berre M. (1978). Mise au point du problème du ver de la datte, *Myelois ceratoniae* Zeller. *Agricultural Bulletin of Sahara Desert*. I. (4) :1-35.

133 Lehmann T., Hawley W. A., Kamau L., Fontenille D., Simard F., Collins F. H. (1996). Genetic differentiation of *Anopheles gambiae* populations from East and West Africa: comparison of microsatellites and allozyme loci. *Heredity*, 77: 192-208.

134 Lewicki T. & Johnson M. (1974). West african food in the middle ages, Cambridge University Press.

135 Lewontin, R.C. & Hubby, J.L. (1966). A molecular approach to the study of genic heterozygosity in Natural populations. II. Amount of variation and degree of heterozygosity in natural populations of *Drosophila pseudo obscura*. *Genetics*, 54: 595-609.

136 Li W., Zhang X., Fan Z., Yue B., Huang F., King E., Ran J. (2010). Structural Characteristics and Phylogenetic Analysis of the Mitochondrial Genome of the Sugarcane Borer, Diatraea saccharalis (Lepidoptera: Crambidae). *DNA and Cell Biology*. 30(1) : 3-8.

137 Li, W.Q., Jiang, C.H., Chu, S.S., Zuo, M.X. & Liu, Z.L. (2010). Chemical Composition and Toxicity against *Sitophilus zeamais* and *Tribolium castaneum* of the Essential Oil of *Murraya exotica*. *Molecules*, 15 : 5831-5839.

138 Liang, L. et *al.,* (1993): China's post-harvest grain losses and the means of their reduction and elimination. *Jingji dili* (*Econ. Geogr.*) (1): 92-96.

139 Librado P. and Rozas J., (2009): DNAsp v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25 : 1451-1452.

140 LO M., Diome T., Thiaw C., Sembéne M. (2020). Study of the development parameters of *Corcyra cephalonica* (Stainton) according to the type of food substrate. *International Journal of Zoology Studies*. 5(1): 35-41.

141 LO M., Diome T., Thiaw C., and Sembène M. (2020). Development and reproductive parameters of *Corcyra cephalonica* (Stainton) according to two agro-ecological zones of Senegal. *Journal of Entomology and Zoology Studies* ; 8(3) : 1540-1545.

142 Loxdale H.D. & den Hollander J. (1989). Electrophoretic studies on agricultural pests. Systematics Association Special Volume No. 39, Oxford, Clarendon Press.

143 Loxdale H.D. and Lushai G. (1998). Molecular markers in entomology. *Bull. Entomol. Res.* 88: 577-600.

144 Luck G.W., Daily G.C. and Ehrlich P.R., (2003): Population diversity and ecosystem services. *Trends in Ecology and Evolution*, 18, 331-336.

145 MAE (Ministère des Affaires Etrangères) (2002). Mémento de l'agronome. 1692 p.

146 Magne C., (1975). Recherches rizicoles en Casamance : amélioration du riz. In : Rapport d'activités 1974-1975. ISRA, Djibélor.

147 Maleck M.A., and Parveen B. (1989). Effect of insect's infestation on the weight loss and viability of stored BR3 paddy. *Bangladesh-journal-of-zoology*. 17 : 83-85.

148 Malik K. & Riazuddin S. (2007). Discovery of a novel crystal protein from Pakistani *Bacillus thuringiensis* strain toxic to *Tribolium castaneum* (Herbst) (Coleoptera: Tenebrionidae). *Punjab University Journal of Zoology*. 22 (1-2): 25-31.

149 Mallamaire A. (1965). Les insectes nuisibles aux semences et aux denrées entreposées au Sénégal. Congrès de la protection des cultures tropicales-compte rendu des travaux. Chambre de commerce de l'industrie de Marseille, France ; 85-92.

150 Mardis E.M., Ginsburg G.S. et Willard H.F. (2013). Chapitre 7 - Séquençage du génome entier : nouvelles technologies, approches et applications. *Médecine génomique et personnalisée (deuxième édition).* Waltham : *Academic Press*, p. 87-93.

151 Marmonier P., Lagadeuc Y. et Aquilina L. (2006). Introduction à l'écologie. *Ed. ENVAM*. 36p.

152 Marquardt P.E. & Epperson B.K. (2004). Spatial and population genetic structure of microsatellites in white pine. *Molecular Ecology*, 13 : 3305-3315.

153 Matsuyama N. (1975). The effect of ample nitrogen fertilizer on cell-wall materials and its significance to rice blast disease., Vol. 41.

154 Mauny R. (1949). Eustache de la Fosse - Voyage dans l'Afrique Occidentale (1479-80). Bissau.

155 Mbata G.N. (1989). Studies on some aspects of the biology of *Corcyra cephalonica* (Stain.). *Rev. Appl. Ent*. 78(7): 793.

156 Mbengue H.M. (1987). Synthèse des travaux de recherches en technologie post-récolte du mil au sénégal. Atelier ICRISAT sur le mil. 17p.

157 Mbengue H.M. (1990). Conservation et transformation des céréales locales au Sénégal. Séminaire sur la post récolte en Afrique. 9p.

158 Mcintosh R.J. & Mcintosh S.K. (1981). The inland Niger delta before the empire of Mali : evidence of Jenne-Jeno, *The J. of African History*, 22 (1) : 1-22.

159 Mcintosh R.J., Mcintosh S.K. & Macdonald K. (1992). Food production in the inland Niger delta, in I Musa (éd.), Recent developments and research in african archaeology.

160 Megan S. and McCouch S. (2007). The Complex History of the Domestication of Rice. *Annals of Botany*, pp 1-7.

161 Memento de l'agronome, (1991). Les cultures spéciales : plantes amylacées.4e Ed. Techniques rurales en Afrique. Ministère de la coopération et du développement de la République Française. ISBN 2-11-086725-6. P. 641-730.

162 Miézan K.M., Wopereis M., Dingkuhn M., Deckers J., Randolph T.F. (1997). Irrigated rice in the Sahel: prospects for sustainable development. Bouaké, Côte d'Ivoire: WARDA [West Africa Rice Development Association].

163 Mlezan K. & Ghesquière A. (1986). Genetic structure of African traditional rice cultivars, In: Rice genetics. Proc. Rice Genetics Symposium, IRRI, Los Banos, Philippines: 91-107.

164 Mondal, M. & Khalequzzaman, M. (2009). Ovicidal activity of essential oils against red flour beetle, *Tribolium castaneum* (herbst) (Coleoptera: Tenebrionidae). *Journal of Biological Sciences*, 17 : 57-62.

165 Montaigne W. (2011) : Diversité génétique et adaptation au milieu chez les arbres forestiers tropicaux : Etude chez le genre *Virola* (Myristicaceae). Thèse de doctorat. Université des Antilles et de la Guyane. 177p.

166 Morishima H., Hlnata K. & Oka H.I. (1963). Comparison of evolution of cultivated forms from two wild rice species, *Oryza breviligulata* and *O. perennis*, Evolution 15: 326-339.

167 Morozova O., Hirst M. and Marra M.A. (2009). Applicationsofnew sequencing technologies for transcriptome analysis. *Annu Rev Genomics Hum Genet.* 10: 135–151.

168 Muthukrishnan N., Venugopal M.S., Ilamurougu K. and Janarthanan R. (1996). Recycling of spent larval food of *Corcyra cephalonica* for fuel gas production. *Rev. Agril. Ent.* 85(12): 14-18.

169 Nagamanju P., Hansen I.A., Burmester T., Meyer S.R., Scheller K., Dutta-Gupta A. (2003). Complete sequence, expression and evolution of two members of the hexamerin protein family during the larval development of the rice moth, *Corcyra cephalonica*. Insect *Biochemistry and Molecular Biology*. 33: 73-80.

170 Najimi B., El Jaafari S., Jlibène M. & Jacquemin J.M. (2003). Applications des marqueurs moléculaires dans l'amélioration du blé tendre pour la résistance aux maladies et aux insectes. Biotechnologie, *Agronomie Société et Environnement*, 7(1) : 17-35.

171 NASRIN M. (2016). Effect of various cereals on the development of *Corcyra cephalonica* (stainton) and its egg parasitoid *Trichogramma chilonis* (ISHII). *Bangladesh J. Agril. Res*. 41(1): 183-194.

172 Ndiaye A., Fofana A., Ndiaye M., Mbaye D.F., Sène M., Mbaye I. et *al.* (2005). Les céréales. In : Bilan de la Recherche agricole et agroalimentaire au Sénégal. Dakar : Institut Sénégalais de Recherches Agricoles (ISRA), Institut de Technologie Alimentaire (ITA), CIRAD ; 241-256.

173 Ndiaye M., Niang M. (2010). Rapport final de l'étude sur la transmission des fluctuations et le calcul de prix de parité à l'importation/exportation dans la sous-région : cas pratique du Sénégal. SIM-Sénégal, janvier, 50p.

174 Ndiaye M.R. (2018) : Evolution phylogéographique et structure génétique des populations de *Sitophilus zeamais* (Coleoptera, Curculionidae), ravageur du maïs stocké en Afrique de l'ouest. Thèse de doctorat. Université Cheikh Anta Diop, Dakar (Sénégal), 177p.

175 Ndiaye A. & Sembène M. (2011). Haplotypic diversity of West African populations of groundnut seed-beetle, *Caryedon serratus* Ol. (Coleoptera, Chrysomelidae, Bruchinae): results from geographical and DNA sequences data. *Journal of Cell and Animal Biology*, 5(9): 187195.

176 Ndiaye M.R., Sembène M. (2018). Genetic structure and phylogeographic evolution of the West African populations of *Sitophilus zeamais* (Coleoptera, Curculionidae). *Journal of Stored Products Research* : 77 ; pp : 135-143.

177 Ndong A., Diome T., Thiaw C., Ndiaye A., Kébé K., Douma A., Ketoh G., Sanon A. & Sembène M. (2011). Several haplotypes of groundnut (*Arachis hypogaea* L.) seed-beetle, *Caryedon serratus* Ol. (Coleoptera: Chrysomelidae, Bruchinae), in West Africa: Genetic identification using 28S sequences. *African Journal of Biotechnology*, 10(55) : 11409-11420.

178 Nei M. (1987). Molecular evolutionary genetics, *Columbia University Press, New York.* NY, USA.

179 Nei M. (1997). Molecular Evolutionary Génétics. *Columbia University Press*, New York.

180 Ng R.K. et *al.* (2008). Restriction épigénétique du destin de lignée de cellules embryonnaires par méthylation d'Elf5. 11, s.l. : *Nature Cell Biology*, vol. 10.

181 Ng S.B. et *al.* (2010). Le séquençage de l'exome identifie la cause d'un trouble mendélien. 1, s.l. : *Nature Genetics*, vol. 42, p. 30-35.

182 Nicol J.M. (1935). Notes on the Gallerid moth, *Corcyra cephalonica* (Stain.). *Rev. Appl. Ent.* 23(9) : 502.

183 Notter-Hausmann C., Dorn S. (2010). Relationship between behavior and physiology in an invasive pest species: oviposition site selection and temperature-dependent development of the oriental fruit moth (Lepidoptera: Tortricidae). *Environmental entomology*. 39 : 561-569.

184 Oerke E.C. (2006). Crop losses to pests. *The Journal of Agricultural Science*.

185 Oliveira E.J., Pádua J.G., Zucchi M.I., Vencovsky R. & Vieira M.L.C. (2006). Origin, evolution and genome distribution of microsatellites. *Genetics and Molecular Biology*, 29(2): 294-307.

186 Orémus M., Garrigue C. and Cleguer C. (2011). Isolement et diversité génétique des dugongs de Nouvelle-Calédonie. Rapport non publié pour la Direction de l'Environnement de la Province Sud, Nouvelle-Calédonie : 40p.

187 ORMVAG. (2013). Présentation de la filière rizicole dans le Gharb.

188 Ouedraogo I. & Sidibé M. (1991). Le Système d'information sur les prix agricoles au Sénégal. Etude et documents, ISRA. 4(18) : 1-14.

189 Ozpnar A. (1997). Comparison of some biological parameters of *Trichogramma evanescens* westwood on the eggs of *Ephestia kuehniella* (Zeller) and *Sitotroga cerealella* (Olivier). *Bitki Koruma Bulteni*. 37(1/2): 59-65.

190 Ozsolak F. et Milos P.M. (2011). Séquençage de l'ARN: progrès, défis et opportunités. 2, s.l. : *Nature Reviews Genetics*, vol. 12, p. 87-98.

191 PAM (Programme Alimentaire Mondial), (2008). Rapport d'analyse de marché. Sénégal : commerce du Riz. World Food Programm.

192 Pathak S.K., Dubey M.N., Yadav P.R. (2010). Suitability of different diet and thier combination for the rearing of *Trichogramma* host *Corcyra cephalonica* (Stainton). *Journal of experimental zoology*. India. 13: 29-31.

193 Perveen F. (2012). *Sitotroga cerealella* and *Corcyra cephalonica*. www.iaees. org/ publications/ journals/-----/role -of - temperature - and - hosts - sit.

194 Portères R. (1949). Le système de riziculture par franges univariétales et l'occupation des fonds par les riz flottants dans l'Ouest-africain, *Rev. Int. Bot. Appl. Agr. Trop*. 29 (325-326) : 553-563.

195 Portères R. (1950). Vieilles agricultures de l'Afrique intertropicale. Centres d'origine et de diversification variétale primaire et berceaux de l'agriculture antérieurs au XVIe siècle, *L'Agronomie Tropicale*, 5 : 489-507.

196 Portères R. (1956). Taxonomie agrobotanique des riz cultivés *O. sativa* (Linné) et *O. glaberrima* (Steudel), *J.A.T.B.A*. 3 (7-12).

197 Portères R. (1957). Compagnonnage agraire et génétique biogéographique chez les riz cultivés, C.R. *Soc. Biogéogr*., 298 : 68-99.

198 Purseglove J.W. (1976). The origins and migrations of crops in tropical Africa: 291-309, In Harlan J.R., De Wet J.M.J. and Stemler A.B.L. eds, Origins of African Plant Domestication, The Hague, Paris, Mouton Publishers.

199 Ramos-Onsins S. E. and Rozas J. (2002). Statistical properties of new neutrality tests against population growth, *Mol. Biol. Evol*. 19, 2092-2100.

200 Raymond M. (1996). Les marqueurs génétiques en Biologie des Populations : vers une écologie moléculaire. *Médecine/Science*, 12 : 153-157.

201 Rogers A. R. and Harpending H., (1992): Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic difference. *Molecular Biology and Evolution*, 9: 552-569.

202 RORAO (2000). Réseau des observations du riz en Afrique de l'Ouest : Sénégal. Carpenter A.J., 1978. The history of rice in Africa. In : Rice in Africa, Buddenhagen I.W., Persley G.J. (éd.). *Academic Press*, Londres, p. 3-10.

203 Roschevicz R.J. (1931). A contribution to the knowledge of rice, *Bull. Appl. Bot. Genet. PI. Breed*, 27: 1-133.

204 Rozas J., Librado P. and Sanches-Delbarrio J. C. (2010). DNA sequence polymorphism. Version 5.10.01.

205 SAED (2001). "La Filière Riz Irriguée dans la Vallée du Fleuve Sénégal : État des lieux et Perspectives : document introductif au Conseil Présidentiel, 22p." République du Sénégal, Ministère de l'Agriculture, Juin.

206 Saleh D. (2008). Structuration génétique des populations de l'aleurode Bemisiatabaci : importance du biotype, de l'origine géographique et de la plante-hôte chez un complexe d'espèces phytophages. Mémoire de Master 2, Université Montpellier II. 33p.

207 Sarr A.G.R.J., Dia C.A.K.M., Ndiaye M.R. and Sembène M. (2016). Genetic Structure of Two *Sitophilus* (Coleoptera, Curculionidae) Species According to Storage Infrastructures and Agro-ecological Areas. *International Journal of Science and Advanced Technology:* Volume 6; No 4; 11p.

208 Sautier D. (1989). « Risques agricoles et risques alimentaires : remarques sur un exemple andin », In : Le risque en agriculture, *ORSTOM,* 1989. 395-405.

209 Schnell R. (1957). Plantes alimentaires et vie agricole de l'Afrique noire. Essai de phyto géographie alimentaire, Paris, Editions Larose.

210 Seck, D. (1994). Développement de méthodes alternatives de contrôle des principaux insectes ravageurs des denrées emmagasinées au Sénégal par l'utilisation de plantes indigènes. Thèse en Sciences agronomiques. Faculté des Sciences Agronomiques de Gembloux. 191p.

211 Sembène M., Thiaw C., Doumma A., Sanon A., Kétoh GK., Delobel A. (2012a). Préférence de ponte et niveaux d'adaptation de différentes souches de *Caryedon serratus* Ol. (Coleoptera : Bruchidae) à l'arachide (*Arachis hypogaea* L., Fabaceae). Annale de la Société Entomologique de France (N.S.), 48 : 1-2.

212 Sembene M. (1996). Les pertes post-récoltes : l'exemple de la bruche de l'arachide *(Caryedon serratus* OL.) au Sénégal. Dakar : ORSTOM. 11p. multigr.

213 Sembène M. (2000). Variabilité de l'Espaceur Interne Transcrit (ITS) de l'ADN ribosomique et polymorphisme des loci microsatéllites chez la bruche *Caryedon serratus* (Olivier) : différenciation en races hôtes et infestation de l'arachide au Sénégal. Thèse de Doctorat d'Etat ès Sciences, Université Cheikh AntaDiop de Dakar (Sénégal), 180p.

214 Sembène M., Delobel A. (1998). Genetic differentiation of groundnut seed-beetle populations in Senegal. *Entomologia Experimentalis et Applicata.* 87 : 171–180.

215 Semeao A.A., Campbell J.F., Beeman R.W., Whitworth R.J., Sloderbeck P.E. & Lorenzen M.D. (2010). Genetic structure of *Tribolium castaneum* populations in mills. *Julius Kühn-Archiv*, 425: 85-89.

216 Seshagiri, A.D. (1954). Notes on rice moth, *Corcyra cephalonica* (Stain.). (Galleriidae: Lepidoptera). *Indian J. Ent.* 16(2): 95-114.

217 Sezonlin, M., Dupas, S., Le Ru, B., Gall, P.L., Moyal, P., Calatayud, P.A., GiffardI, F.N. & Silvain, J.F. (2006). Phylogeography and population genetics of the maize stalk borer *Busseola fusca* (Lepidoptera, Noctuidae) In sub-Saharan Africa. *Molecular Ecology*, 15 (2): 407-420.

218 Sims, D., et *al.* (2014). Profondeur et couverture de séquençage : considérations clés dans les analyses génomiques. *Nature Reviews Genetics*, vol. 15(2), pp. 121-132.

219 Sow K. (2019). Ecophysiologie de *Tribolium castaneum* (Coleoptera : Tenebrionidae) ravageur de céréales et de légumineuses au Sénégal. Mémoire de master en Biologie Animale, Université Cheikh Anta Diop, Dakar. 30p.

220 Sunnucks, P. (2000). Efficient genetic markers for population biology. *Trends Ecol. Evol.* 15 : 199-203.

221 Taanman J.W. (1999). The mitochondrial genome: structure, transcription, translation and replication. *Biochimica et Biophysica Acta*. 1410: 103-123.

222 Tajani M., Benkirane R., Douira A., El Haloui N. (2001). Impact des maladies foliaires sur les composantes de rendement du riz (*Oryza sativa*) au Maroc. Revue Marocaine des Sciences Agronomiques et Vétérinaires, 21 : 83-86.

223 Tajima, F. (1989). Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*, 123 : 585-595.

224 Tammes, P.M.L., Loosjes, F.E. & Wijnen, R. (1970). Time Response Experiments with Single Dose and Chronic Treatment of Dieldrin on *Tribolium castaneum*. *Bulletin of Environmental Contamination & Toxicology*, 5(5) : 1-7.

225 Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M. & Kumar, S. (2011). "MEGA 5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods". *Molecular Biology and Evolution*, 28(10) : 2731-2739.

226 Tateoka T., (1964). Taxonomie studies of the genus *Oryza*, 15-21, in R.F. Chandler éd., IRRI, Rice Genetics and Cytogenetics, Amsterdam, Elsevier.

227 Tautz, D. (1989). Hypervariability of simple sequences as a general source of polymorphic DNA markers. *Nucleic Acids Research*, 17: 6463-6471.

228 Tibayrenc, M. (1979). Les isoenzymes et l'Entomologie médicale. Cah. O.R.S.T.R.O.M. *Sér. Ent. Med. Et Parasitol*, 17(4) : 249-256.

229 Tostain, S. (1998). Le mil, une longue histoire : hypothèses sur sa domestication et ses migrations. 490p.

230 Türkera, L. (1998). Theoretical study on the Sex-pheromones of the Rice Moth, *Corcyra cephalonica* (Stainton). *Turkish Journal of Biology.* 22 : 229-232.

231 Usman, S. (1968). Le nombre et la relation entre les mesures des stades larvaires successifs de la pyrale du riz *Corcyra cephalonica* (Stainton) (Lepidoptera : Pyralidae). *Mysore J. Agric. Sci.*, 2 :181-192.

232 Vaughan D.A., Morishima H, Kadowaki K., (2003). Diversity in the *Oryza* genus. *Current Opinion in Plant Molecular Biology.* 6, pp: 139–146.

233 Vayssiere, P., Mimeur J. (1925). Etudes et mémoires sur quelques insectes nuisibles au cotonnier. *Corcyra cephalonica* (Stainton, Pyralidae). Vol. 13, n°93, p.113-116.

234 Vera, J.C., et *al.* (2008). Caractérisation rapide de transcriptome pour un organisme non modèle utilisant 454 pyrosequencing. 7, s.l. : *Molecular Ecology*, vol. 17, pp. 1636-1647.

235 Viguler P., 1938.- La riziculture indigène au Soudan français, Annales Agricoles de l'Afrique Occidentale Française et Etrangère, 2 (1) : 31-81.

236 Weir B.S. & Cockerham C.C. (1984). Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*. 38, 1358-1370.

237 Wilantho A., Praditsup O., Charoenchim W., Kulawonganunchai S, Assawamakin A. and Tongsima S. (2012). Next generation sequencing (NGS) technologies and their applications in omics-research. *Thai J. Genet*. 5(2) : 104-129.

238 Wright S. (1969). The Theory of Gene Frequencies, Evolution and the Genetics of Populations, Vol. 2. *University of Chicago Press*: Chicago.

239 Wright S., (1943). Isolation by distance. *Genetics*. 28, 114-138.

240 Wright S., (1978). Evolution and the genetics of populations. Variability within and among natural populations. Chicago, IL, USA: *University of Chicago Press*.

241 Wu, Y., Li, J., Zhao, J., Su, T., Luo, A., Fan, R., Chen, M., Wu, C., and Zhu, C. (2012). The complete mitochondrial genome of the rice moth, *Corcyra cephalonica*. *Journal of Insect Science* : Vol. 12, Article 72. 14p.

242 Zhang, D.X. & Hewitt, G.M. (2003). Nuclear DNA analysis in genetic studies of the populations: practices, problems and prospects. *Molecular Ecology*, 12 : 563-584.

Annexes

Annexe : Publications

Publications issues de la thèse :

1. Mamadou LO, Toffène Diome, Cheikh Thiaw and Mbacké Sembène: Study of the development parameters of *Corcyra cephalonica* (Stainton) according to the type of food substrate.

International Journal of Zoology Studies

International Journal of Zoology Studies
ISSN: 2455-7269; Impact Factor: RJIF 5.14
Received: 23-01-2020; Accepted: 24-02-2020; Published: 28-02-2020
www.zoologyjournals.com
Volume 5; Issue 2; 2020; Page No. 35-41

Study of the development parameters of *Corcyra cephalonica* (Stainton) according to the type of food substrate

Mamadou Lo[1*], Toffène Diome[2], Cheikh Thiaw[3], Mbacké Sembene[4]
[1, 2, 3] Genetics and Population Management Team, Department of Animal Biology, Faculty of Science and Technology, Cheikh Anta Diop University, Dakar, Senegal
[4] Sciences and Techniques in Agronomy and Plant Production Department (STAPV), University of Sine Saloum El-hadji Ibrahima Niass(USSEIN) Sing-Sing, BP 55, Kaolack, Senegal

Abstract
The current study was aimed to determine the influence of millet and rice food substrates on the biological parameters of *C. cephalonica, a* pest of stored cereals. To achieve this objective, millet and rice grains were collected from the largest seed conditioning station in Senegal, precisely in the centre of the groundnut basin. The eggs from the female moths from this farm were used to carry out the necessary tests to study the development parameters of the grain-borne rice borer. The results obtained from our work show that the type of grain has an effect on the biological parameters of the insect. The average duration of the insect's development cycle is longer in millet grains than in rice grains. In addition, the type of food substrate has a significantly different effect on the parameters: duration of immature stages, size and longevity of adults. The size of the imago is significantly higher in millet grainsthan in rice grains.

Keywords: *Corcyra cephalonica,* groundnut basin, food substrates, biological parameters

1. Introduction
Millet is the most widely grown cereal in Senegal, with 71% of the area sown to cereals in the 2011-2012 agricultural season and 65% in the 2012-2013 season. It weighs on average 42% of the total cereals produced on our territory although it only represents 26% of the quantity of cereals present in the Senegalese diet (CGER, 2014) [6]. After millet, rice is also a highly appreciated commodity. In 2012, rice will account for only 11% of the area under cereal crops, representing 38% of the country's cereal production. Mainly cultivated by the irrigation system in the Senegal River Valley (Saint-Louis) with 57% of the area under rice, it is at the centre of Senegal's food self-sufficiency policy. It is also rainfed in Ziguinchor and Sédhiou, with 17% and 15% of the area under rice respectively. It should be noted that Saint-Louis and Ziguinchor devote 87% and 70% of their cereal-growing areas to rice cultivation, respectively (CGER, 2014) [6]. However, farmers pay little attention to millet, rice and maize stocks (Ndiaye and Niang, 2010) [15] which are attacked by insect pests such as *Corcyra cephalonica* (Stainton) which is a pest exclusively dependent on cereal stocks. It infests rice, millet, wheat, maize and leguminous crops (Malek & Parveen, 1989)[11]. All activities of life depend on the type and quality of an individual's food supply. (Andrewartha and Birch, 1954) [1] have stated that the longevity and reproductive potential of insects are influenced by environmental components, including temperature, humidity and food. Several studies have shown that the nature of the food substrate can influence the development of insects, as in the case of *Tribolium castaneum* (Gueye *et al.,* 2015, Sow, 2019) [9, 17]. The grains of the two cereals millet and rice would have different compositions and nutritional values, which would have a bearing on the insect's bio-ecology. What would be the effect of the two cereals millet and rice on the development parameters of *C. cephalonica* ? It is in this context that the present study aims to determine the effect of the nature of the cereal on the development parameters of *C. cephalonica* (Stainton).

2. Materials and methods
Sampling site
The choice of the sampled site was made with reference to its importance in terms of storage capacity and its geographical position with the agro-ecological zones. Sampling was carried out in a seed packing station located at 14□ 39' 4.5" N ; 16□ 15' 19.36" W belonging to the central groundnut basin and the Sahelo-Sudanian zone (SAS). As the grains were stored in bags, the number of bags from which samples were taken depended on the total number of bags stored. In fact, out of a batch of 100 bags, 10 were selected at random to make up the overall sample and the samples were taken by sampling. Fifty (50) g per 100 kg bag of rice or millet were taken, sufficient to make up an overall sample of at least 500 g.

2.1 Moth breeding
Breeding was carried out in the laboratory using strains of *C. cephalonica* from millet and rice samples from the packing station. The harvested cereals (millet and rice) were placed in rearing jars placed in a controlled environment chamber until adult emergence. The adults had been in the jars for 24 hours to encourage the meeting of the two sexes, after which they were harvested using a test tube, sexed according to the presence or absence of labial palps (females have labial palps and males do not). After sexing, the moths were individually placed in minuscule drums of fine-mesh wire mesh to collect the eggs laid by the females and to

2. Mamadou LO, Toffène Diome, Cheikh Thiaw and Mbacké Sembène: Study of the reproductive parameters of *Corcyra cephalonica* (Stainton) according to the type of food substrate.

International Journal of Entomology Research

International Journal of Entomology Research
ISSN: 2455-4758; Impact Factor: RJIF 5.24
Received: 29-07-2020; Accepted: 15-08-2020; Published: 30-08-2020
www.entomologyjournals.com
Volume 5; Issue 5; 2020; Page No. 05-09

Study of the reproductive parameters of *Corcyra cephalonica* (Stainton) according to the type of food substrate

Mamadou LO[1*], Toffène Diome[2], Cheikh Thiaw[3], Mbacké Sembene[4]
[1, 2, 4] Team of Genetics and Population Management, Department of Animal Biology, Faculty of Sciences and Techniques, University Cheikh Anta Diop, Dakar, Senegal
[3] UFR Sciences and Techniques in Agronomy and Plant Production (STAPV), University of Sine Saloum El-hadji Ibrahima Niass (USSEIN) Sing-Sing, BP 55, Kaolack, Senegal

Abstract
Rice is a cereal strategy for Senegal given its place in the household and its weight on our trade balance. Imports of rice amounted in 2013 to 902526 tonnes worth of more than 191 billion CFA francs. In Africa, 70% of the production of mils comes from the west of the continent. Thus, it becomes imperative to pay more attention on the stocks of these cereals, which are often attacked by insect pests such as *Corcyra cephalonica*, to ensure the food security of the country. It is in this context that this study aims to determine the effect of the substrate on the reproduction of *C. cephalonica*. To achieve this objective, samples were collected in a packing station of the seed of Senegal, located in the centre of the groundnut basin in order to establish a mass rearing. Eggs from moths female from this breeding, were used to conduct tests necessary for the study of the reproductive potential of the moth. The results obtained showed that the difference of ranks between the number of egg-laying in the grain was significant (p-value = 0,0090 < 0,05), between the eggs laid in the grain was also high (p-value = 0,0237 < 0,05). However, the difference of rank between the hatch rates of eggs in the grains was not significant (p-value = 1 > 0,05). On the other hand, tests of correlations revealed that there was no relationship between the total number of eggs laid on mil and the longevity of female mites (Sig.= 0,904 > 0,05), the number of oviposition and the total number eggs laid on mil (Sig.= 0,785 > 0,05), the number of oviposition and the total number of eggs laid on rice (Sig.= 0,188 > 0,05), the total number of eggs laid on mil and the longevity of the moths on rice (Sig.= 0,589 > 0,05), the total number of eggs laid on mil and the total number of eggs laid on rice (Sig.= 0,742 > 0,05). However, there is a strong correlation between the total number of eggs laid on rice and the longevity of female mites on rice (Sig.= 0,021 < 0.05 and Spearman Correlation coefficient = 0,878).

Keywords: *Corcyra cephalonica*, peanut basin center, food substrates, reproductive potential

1. Introduction

The population of rice consumers is increasing by 1.8% per year. The current annual production of rice is 560 million tons and is expected to be increased to 850 million tons by 2025. Thus, rice varieties with a yield potential and yield stability higher are required to meet the challenges of increased rice production and meet the needs of a growing world population [11]. The rice is grown and eaten in 38 countries in sub-saharan Africa. The local production of this cereal can not meet the growing demand for rice in many african countries [4]. The pearl millet (*Pennisetum typhoides* (Stapf. and Hubb.)), staple food of the population, is far and away the cereal with the most important in Senegal, for both planted area and production. It is grown throughout the country, in particular Kaolack, which represents 26 % of the cropped area and 39 % of the national production, estimated to be more than 528 000 t [15]. According to [17] at least fifteen species of insects attack the stocks of food grains in rural areas and among major species, four Beetles such as *Sitophilus zeamais* (Motsch.), *S. oryzae* (L), *Rhyzopertha dominica* (F.) and *T. castaneum* (Herbst) and three Lepidopteran, *Sitotroga cerealella* (Oliv.), *Ephestia cautella* (WLK) and *Corcyra cephalonica* (Staint.). This last is a formidable pest of grain inventories and deserves special attention. It infests the rice, the millet, the wheat, the corn and the crops legumes [14]. All the activities of life depend on the type and quality of the food material of an individual. [2] have said that the longevity and reproductive potential of insects are influenced by the components of the environment, including temperature, moisture and food. What would be the effect of grain crops (millet and rice) on the parameters for breeding of *C. cephalonica* ? These two grains have compositions and nutritional values different, which would have a base on the bio-ecology of the insect. It is in this context that this study aims to determine the effect of the nature of the grain on the reproductive potential of *Corcyra cephalonica* (Stainton).

2. Materials and methods

2.1. Climatic Conditions of experimental

The monitoring of reproductive activities of the borer of rice was done in temperatures ranging from a minimum of 27.9 °C to a maximum of 35.5 °C with an average of 30,44 ± 1,96 °C and a relative humidity average of 73,21 ± 1,74 %.

2.2. Sites of sampling

The choice of the site being sampled has been done in reference to its importance in storage capacity, and its geographical position with the agro-ecological zones. The sampling was performed in a station seed processing set 14°

3. Mamadou LO, Toffène Diome, Cheikh Thiaw and Mbacké Sembène: Development and reproductive parameters of *Corcyra cephalonica* (Stainton) according to two agro-ecological zones of Senegal.

Journal of Entomology and Zoology Studies 2020; 8(3): 1540-1545

Journal of Entomology and Zoology Studies

Available online at www.entomoljournal.com

E-ISSN: 2320-7078
P-ISSN: 2349-6800
www.entomoljournal.com
JEZS 2020; 8(3): 1540-1545
© 2020 JEZS
Received: 19-03-2020
Accepted: 21-04-2020

Mamadou Lo
Genetics and Population Management Team, Department of Animal Biology, Faculty of Science and Technology, Cheikh Anta Diop University, Dakar, Senegal

Toffène Diome
Genetics and Population Management Team, Department of Animal Biology, Faculty of Science and Technology, Cheikh Anta Diop University, Dakar, Senegal

Cheikh Thiaw
Sciences and Techniques in Agronomy and Plant Production Department (STAPV), University of Sine Saloum El-hadji Ibrahima Niass(USSEIN) Sing-Sing, BP 55, Kaolack, Senegal

Mbacké Sembène
Genetics and Population Management Team, Department of Animal Biology, Faculty of Science and Technology, Cheikh Anta Diop University, Dakar, Senegal

Corresponding Author:
Mamadou Lo
Genetics and Population Management Team, Department of Animal Biology, Faculty of Science and Technology, Cheikh Anta Diop University, Dakar, Senegal

Development and reproductive parameters of *Corcyra cephalonica* (Stainton) according to two agro-ecological zones of Senegal

Mamadou Lo, Toffène Diome, Cheikh Thiaw and Mbacké Sembène

Abstract
Originating in Africa, millet constitutes with sorghum the basis of food crops in Sahelian countries. Millet and sorghum represent a resistance challenge because, cultivated in population, they have strong capacities of adaption in extreme conditions. The study aims to determine the effect of agro-ecological zones on the biological parameters of *Corcyra cephalonica* (Stainton). Thus, millet samples were taken from a public store in the groundnut basin center and in the Senegal River delta on stocks. They were placed in rearing jars until adult emergence. The eggs collected from the latter had been used to carry out the necessary controls on biological parameters between agro-ecological zones. The results showed a non-significant agro-ecological zone effect on egg incubation time but which were higher in absolute values in *C. cephalonica* populations from the groundnut basin centre. The total number of eggs laid and the percentage of egg hatch were higher in populations from the Senegal River delta. However, this study also revealed a significantly different zone effect on the size, number of eggs laid and different development durations of the insect.

Keywords: *Corcyra cephalonica*, agro-ecological zones, millet, biological parameters

Introduction

Senegal's arable land is estimated at 3.8 million hectares, i.e. 19% of the country's total area. They are mainly located in the Groundnut Basin (57%), Casamance (20%) and Eastern Senegal (10%). The Senegal River Valley, the Sylvopastoral zone and the Niayes zone follow with 8%, 4% and 1% of arable land respectively. Of these arable lands, 2.8 million hectares are actually cultivated, representing 61% of the cultivable area and 12% of the country's surface area. For the 2012-2013 agricultural year, 1,248, 507 ha have been sown with cereals for a total production of 1,669,960 Tons. Millet leads with 40% of total cereal production, followed by rice 38%, maize 14% and sorghum 8% [1]. Thus, millet is the most cultivated cereal in Senegal, with 71% of the area sown with cereals for the 2011-2012 crop year and 65% in the 2012-2013 crop year. It weighs on average 42% of the total cereals produced in our territory although it only represents 26% of the quantity of cereals present in the Senegalese diet [1]. However, farmers pay little attention to millet, rice and maize stocks [2] which are attacked by insect pests such as *Corcyra cephalonica* (Stainton) which is a pest exclusively dependent on cereal stocks. It infests rice, millet, wheat, maize and legumes [3]. Andrewartha et Birch [4] have stated that the longevity and reproductive potential of insects are influenced by environmental components, including temperature, humidity and food. In addition, several studies have shown that the type of food substrate has a base on the developmental parameters of the moth, as demonstrated by LO *et al.* [5]. Does the agro-ecological zone also have a base on the biological parameters of the pest ? Knowledge of the impact of different agro-ecological zones on the insect is essential for its bio-control and better integrated management of ringworm. What would be the effect of agro-ecological zones (groundnut basin centre and Senegal River delta) on the development parameters of *C. cephalonica* and its reproductive potential ? The two agro-ecological zones (groundnut basin centre and Senegal River delta) have different climatic conditions that would probably influence the biology of the moth. It is in this context that the present study aims to determine the effect of these two agro-ecological zones on the development and reproductive parameters of *Corcyra cephalonica* (Stainton), in order to compare the evolution of its biological parameters between zones and to improve the conservation of cereals.

4. Mamadou LO, Toffène Diome, Cheikh Thiaw and Mbacké Sembéne: Evaluation of quantitative and qualitative losses on Millet and white Rice in storage grains caused by *Corcyra cephalonica* (Stainton) in Senegal.

Scientific Research Publishing

Advances in Entomology, 2021, 9, 30-43
https://www.scirp.org/journal/ae
ISSN Online: 2331-2017
ISSN Print: 2331-1991

Evaluation of Quantitative and Qualitative Losses on Millet and White Rice in Storage Grains Caused by *Corcyra cephalonica* (Stainton) in Senegal

Mamadou LO[1*], Toffène Diome[1], Cheikh Thiaw[2], Mbacké Sembene[1]

[1]Genetics and Population Management Team, Department of Animal Biology, Faculty of Science and Technology, Cheikh Anta Diop University, Dakar, Senegal
[2]UFR Sciences and Techniques in Agronomy and Vegetable Production (STAPV), University of Sine Saloum El-Hadji Ibrahima Niass (USSEIN) Sing-Sing, Kaolack, Senegal
Email: *laminelofa@gmail.com, toffene.diome@ucad.edu.sn, thiacheikh@hotmail.com, mbacke.sembene@ucad.edu.sn

How to cite this paper: LO, M., Diome, T., Thiaw, C. and Sembene, M. (2021) Evaluation of Quantitative and Qualitative Losses on Millet and White Rice in Storage Grains Caused by *Corcyra cephalonica* (Stainton) in Senegal. *Advances in Entomology*, **9**, 30-43.
https://doi.org/10.4236/ae.2021.91003

Received: November 16, 2020
Accepted: January 3, 2021
Published: January 6, 2021

Copyright © 2021 by author(s) and Scientific Research Publishing Inc.
This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).
http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/
Open Access

Abstract

In Senegal, millet (*Pennisetum glaucum* (L.) R. Br.) and rice (*Oryza sativa* (L., 1753)) are the most widely consumed foods. This study is part of improving the conservation of these two cereals in Senegal by assessing the quantitative and qualitative losses caused by a lepidopteran, *Corcyra cephalonica* (Stainton) subservient to millet and rice stocks. For this purpose, samples of millet and rice from an area of the center of the groundnut basin (Diourbel) were collected, sterilized in the cold and infected with *C. cephalonica* eggs from the same locality. These infected samples were tracked during a development period of two successive generations. The samples were scrutinized before being infected and after a larval cycle of codling moth. The results showed that rice grains are richer in water (10.75% ± 0.4249%, on average) than millet (9.40% ± 0.3944%, on average) and the difference in rank is very significant (p-value = 0.0001 < 0.05). Moreover, the attack percentage on millet grains is three times higher (36.31% ± 25.18%) than rice (12.95% ± 6.69%) with a non-significant difference (p-value = 0.296 > 0.05). A similar trend is observed at the loss percentage, which is four times higher with millet grains (8.67% ± 5.07%) than rice (2.86% ± 2.75%) with a non-significant difference (p-value = 0.835 > 0.05). A multiple linear regression showed a generation effect on millet for the attack percentage and a generation and cereal effect for the percentage of weight loss on rice.

5. Mamadou LO, Mamoune Diop, Cheikh Thiaw, Toffène Diome, Mbacké Sembène: Genetic Characterization of *Corcyra cephalonica* Populations based on the Type of Food Substrate (Millet and Rice) and Two Agro-Ecological Zones in Senegal. Submitted: 01 December 2020 Revised: 20 December 2020 Accepted: 10 January 2021

IJSRM
INTERNATIONAL JOURNAL OF SCIENCE AND RESEARCH METHODOLOGY
An Official Publication of Human Journals
HUMAN

Human Journals
Research Article
January 2021 Vol.:17, Issue:3
© All rights are reserved by Mamadou LO et al.

Genetic Characterization of *Corcyra cephalonica* Populations based on the Type of Food Substrate (Millet and Rice) and Two Agro-Ecological Zones in Senegal

IJSRM
INTERNATIONAL JOURNAL OF SCIENCE AND RESEARCH METHODOLOGY
HUMAN

Mamadou LO[1]*, Mamoune Diop[2], Cheikh Thiaw[3]
Toffène Diome[4], Mbacké Sembène[5]

[1] Genetics and Population Management Team, Department of Animal Biology, Faculty of Science and Technology, Cheikh Anta Diop University, Dakar, Senegal. [2] Genetics and Population Management Team, Department of Animal Biology, Faculty of Science and Technology, Cheikh Anta Diop University, Dakar, Senegal. [3] UFR Sciences and Techniques in Agronomy and Vegetable Production (STAPV), University of Sine Saloum El-hadji Ibrahima Niass (USSEIN) Sing-Sing, BP 55, Kaolack, Senegal. [4] Genetics and Population Management Team, Department of Animal Biology, Faculty of Science and Technology, Cheikh Anta Diop University, Dakar, Senegal. 5 Genetics and Population Management Team, Department of Animal Biology, Faculty of Science and Technology, Cheikh Anta Diop University, Dakar, Senegal.

Submitted: 01 December 2020
Revised: 20 December 2020
Accepted: 10 January 2021

HUMAN JOURNALS
www.ijsrm.humanjournals.com

Keywords: *C. cephalonica*, Genetic Characterization, Food Substrate, Centre of the Groundnut Basin, Senegal River Delta

ABSTRACT

Millet and rice are two very essential bowls of cereal in the Senegalese daily food. Their storage gets a real problem because of the insects that depreciate those causing huge losses in terms of quantity and quality. The Lepidoptera *C. cephalonica* is one of these pests. The objective of this study is to characterize genetically the populations of *C. Cephalonica* on the millet and rice stocks in the Center of the Groundnut Basin and the Senegal River Delta thanks to the Cytochrome b gene to see if the environment and the food substrate affect the genetic structuration of these populations, (biotype and ecotype aspects). We have sequenced a portion of cytochrome b by the Next Generation Sequencing (NGS) method after extraction and amplification by Polymerase Chain Reaction (PCR). The genetic analyses (variability and genetic diversity indices, the populations' genetic structure, the demographic evolution, and the phylogenetic approach) have revealed a high genetic diversity in the global population with the presence of seventy-three (73) haplotypes for ninety-one (91) sequences. The populations of *C. cephalonica* might issue from a stable ancestral population (haplotypic diversities and strong nucleotide and non-significant Tajima D). The Molecular Variance Analysis (AMOVA) inferences and phylogenetic trees have shown that there is a significant genetic differentiation depending on the environment and the food support between the moth populations.

Auteur : Mamadou LO

RÉSUMÉ

Identification et caractérisation génétique d'un lépidoptère : *Corcyra cephalonica* (Stainton), Pyralidae, inféodé aux stocks de grains de mil (*Pennisetum glaucum* (Brown)) et de riz (*Oryza sativa* (L., 1753)) dans le centre du bassin arachidier et le delta du fleuve Sénégal.

Corcyra cephalonica est un ravageur cosmopolite très nuisible aux denrées stockées. Au Sénégal, le mil et le riz sont des céréales très cultivées constituant l'essentiel de nos stocks de produits vivriers et subissent d'énorme pertes dues en grande partie par cet insecte. Face à ce constat, il devient urgent de développer des méthodes de luttes rationnelles pour protéger les grains lors de leur conservation. Cependant, l'insuffisance des données scientifiques, surtout au plan génétique, limite la gestion intégrée des populations de la pyrale. Cette étude, étant pionnière, a pour objectif de contribuer à une meilleure connaissance de la bio-écologie et de la génétique des populations de ce ravageur, en vue d'optimiser la gestion de ces dernières. De manière plus spécifique, il s'agit de : (1) caractériser les populations en fonction des céréales et de l'origine géographique de ces dernières ; (2) ensuite caractériser sur le plan génétique les populations de Corcyra cephalonica ; (3) et enfin évaluer les pertes quantitative et qualitative sur le mil et sur le riz. L'aspect bioécologique, après un échantillonnage, un élevage de masse et des analyses biostatistiques, a révélé que la durée moyenne du cycle de développement de l'insecte est plus longue dans les grains de mil que dans ceux du riz. De plus, le type de substrat alimentaire a un effet significativement différent sur les paramètres : durée des stades immatures et mature et la taille du papillon. D'autre part, la différence de rang entre le nombre de pontes dans les grains était significative (p-value = 0,0090 < 0,05), celle entre les œufs pondus dans les grains l'était aussi (p-value = 0,0237 < 0,05). Cependant, la différence de rang entre les taux d'éclosion des œufs dans les grains n'était pas significative (p-value = 1 > 0,05). Les tests de corrélations ont révélé qu'il n'y avait pas de relation entre le NTOP sur mil et la longévité des mites femelles (Sig. = 0,904 > 0,05), le nombre de pontes et le nombre total d'œufs pondus sur mil (Sig.= 0,785 > 0,05), le nombre de pontes et le NTOP sur riz (Sig. = 0,188 > 0,05), NTOP sur mil et la longévité des mites sur riz (Sig.= 0,589 > 0,05), NTOP sur mil et le NTOP sur riz (Sig.=0,742 > 0,05). Cependant, il y'a une forte corrélation entre le NTOP sur riz et la longévité des mites femelles sur riz (Sig. = 0,021 > 0,05 et coefficient de corrélation de Spearman = 0,878). De plus, l'étude a révélé un effet zone agro-écologique non significatif sur le temps d'incubation des œufs mais qui étaient plus élevés dans les populations de *C. cephalonica* issues du CBA. Le NTOP et le pourcentage d'éclosion des œufs sont plus élevés dans les populations en provenance du DFS. Cependant, un effet zone significativement diffèrent sur la taille, le nombre de pontes et les différentes durées de développement de l'insecte, a été noté. L'approche génétique étudiée à l'aide du marqueur du cytochrome b et des analyses génétiques a montré 73 haplotypes pour 91 séquences. Les populations de *C. cephalonica* seraient issues d'une population ancestrale stable. Les inférences de l'AMOVA et les arbres phylogénétiques ont montré qu'il y a une différenciation génétique significative en fonction du milieu et en fonction du support alimentaire entre les populations de la pyrale. L'évaluation des pertes, à partir de la formule de comptage et de pesage de Adams et Schulten, a montré que le pourcentage d'attaque est trois fois plus élevé sur les grains de mil (36,31 ± 25,18 %) que sur ceux du riz (12,95 ± 6,69 %) avec une différence non significative (p-value = 0,296 > 0,05). Une tendance similaire est observée au niveau du pourcentage de perte, qui est quatre fois plus élevé dans les grains de mil (8,67 ± 5,07 %) que dans ceux du riz (2,86 ± 2,75 %) avec une différence non significative (p-value = 0,835 > 0,05). D'autre part, deux types d'effets ont été notés lors de cette étude : un effet génération sur le mil pour le pourcentage d'attaque et un effet génération et céréale pour le pourcentage de perte de poids sur le riz.

Mots clés : *Corcyra cephalonica*, substrats alimentaires, zones agro-écologiques, bio-écologie, caractérisation génétique, gène cytochrome b, biotype, écotype, pourcentage d'attaque, pourcentage de perte.

ABSTRACT

Identification and genetic characterization of a lepidoptera: *Corcyra cephalonica* (Stainton), Pyralidae, subservient to stocks of millet grains (*Pennisetum glaucum* (Brown)) and rice (*Oryza sativa* (L., 1753)) in the centre of the groundnut basin and the Senegal River Delta.

Corcyra cephalonica is a cosmopolitan pest very harmful to stored food. In Senegal, millet and rice are highly cultivated cereals that make up the bulk of our food stocks and suffer huge losses due in large part to this insect. Faced with this observation, it becomes urgent to develop rational control methods to protect the grains during their conservation. However, insufficient scientific data, especially at the genetic level, limits the integrated management of moth populations. This pioneering study aims to contribute to a better understanding of the bioecology and genetics of the populations of this pest, with a view to optimizing the management of these pests. More specifically, the aim is to: (1) characterize populations according to cereals and their geographical origin; (2) then genetically characterize the populations of Corcyra cephalonica; (3) and finally assess the quantitative and qualitative losses on millet and rice. The bioecological aspect, after sampling, mass breeding and biostatistical analyses, revealed that the average duration of the insect's development cycle is longer in millet grains than in rice. In addition, the type of food substrate has a significantly different effect on the parameters: the duration of immature and mature stages and the size of the butterfly.On the other hand, the difference in rank between the number of layings in grains was significant (p-value = 0.0090 < 0.05), the difference between eggs laid in grains was also significant (p-value = 0.0237 < 0.05). revealed that there was no relationship between NTOP on millet and the longevity of female moths (Sig. = 0.904 > 0.05), the number of clutches and the total number of eggs laid on millet (Sig. = 0.785 > 0.05), the number of spawning eggs and the NTOP on rice (Sig. = 0.188 > 0.05), NTOP on millet and the longevity of moths on rice (Sig. = 0.589 > 0.05) , NTOP on millet and NTOP on rice (Sig. = 0.742 > 0.05). However, there is a strong correlation between NTOP on rice and the longevity of female moths on rice (Sig. = 0.021 < 0.05 and Spearman correlation coefficient = 0.878). In addition, the study revealed a non-significant agro-ecological zone effect on egg incubation time but higher in *C. cephalonica* populations from CGB. NTOP and egg hatching percentages are higher in populations from SRD. However, a significantly different area effect on the size, number of clutches and different development times of the insect, was noted. The genetic approach studied using the cytochrome b marker and genetic analysis showed 73 haplotypes for 91 sequences. Populations of *C. cephalonica* are believed to have come from a stable ancestral population. AMOVA inferences and phylogenetic trees have shown that there is significant genetic differentiation depending on the environment and food support between moth populations. Loss evaluation, from adams and Schulten's counting and weighing formula, showed that the attack percentage is three times higher on millet grains (36.31 ± 25.18%) than in rice grains (12.95 ± 6.69%) with a non-significant difference (p-value = 0.296 > 0.05). A similar trend is observed in the percentage of loss, which is four times higher in millet grains (8.67 ± 5.07%) rice (2.86 ± 2.75 per cent) with a non-significant difference (p-value = 0.835 > 0.05). On the other hand, two types of effects were noted in this study: a generation effect on millet for the attack percentage and a generation and cereal effect for the percentage of weight loss on rice.

Keywords: *Corcyra cephalonica*, food substrates, agro-ecological zones, bio-ecology, genetic characterization, cytochrome gene b, biotype, ecotype, attack percentage, loss percentage.