

Apport de l'IA pour l'épidémio-surveillance étendue en santé des plantes (insectes vecteurs, arthropodes auxiliaires et pathogènes vectés)

Astrid Cruaud INRAE-CBGP

Jean-Baptiste Carluer INRAE-CBGP

astrid.cruaud@inrae.fr; carluer.jean.baptiste@gmail.com

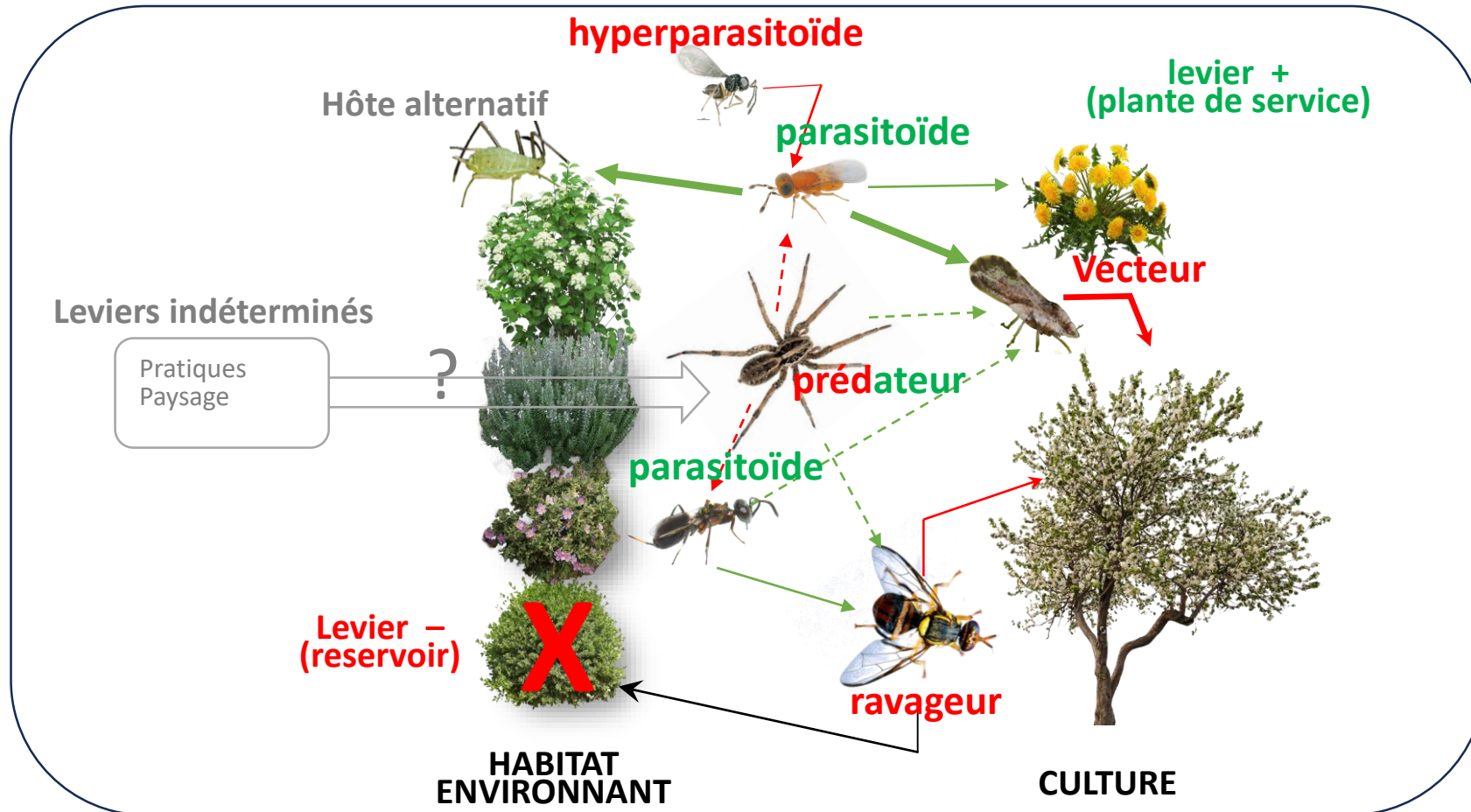
Contexte – Les réseaux d'interactions

Les insectes ravageurs des cultures sont au cœur de réseaux d'interactions complexes entre les plantes cultivées et leur environnement

Problème : ces réseaux sont mal caractérisés.

→ On a du mal à identifier les leviers (e.g. paysage /pratiques) sur lesquels agir afin de faciliter la régulation des ravageurs par leurs ennemis naturels (parasitoïdes et prédateurs)

→ On gâche une cartouche pour la transition vers une agriculture plus verte.



Parasitoïde pond ses œufs dans les œufs/larves du ravageur et se développe à ses dépens.

Le ravageur ne survit pas à ce développement.

⇔ Le parasitoïde est un régulateur naturel des populations de ravageurs

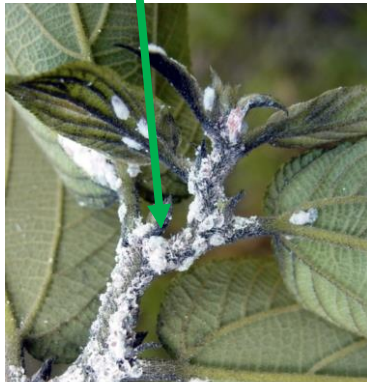
Contexte – Questions de recherche non résolues

Deux exemples concrets

- ➔ Niveau d'interconnexion requis entre la culture et l'habitat environnant pour réguler efficacement les ravageurs ? L'habitat naturel est-il un réel levier ?
- ➔ Peut-on prédire les effets non intentionnels d'un auxiliaire relâché dans le cadre d'un programme de biocontrôle sur la base de son spectre d'hôte dans son aire d'origine ? [i.e. s'assurer qu'il va être efficace et non délétère pour la faune locale]



=



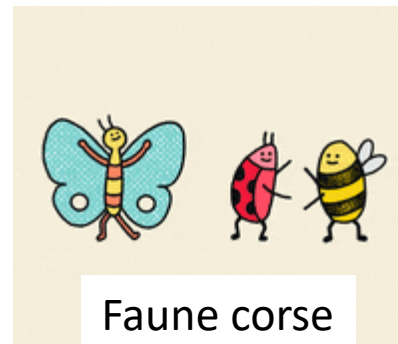
© Florida Dept
of Agriculture



©T. Scotto Di Marco

CULTURE

HABITAT
ENVIRONNANT



Faune corse

©Luke Alexander

+



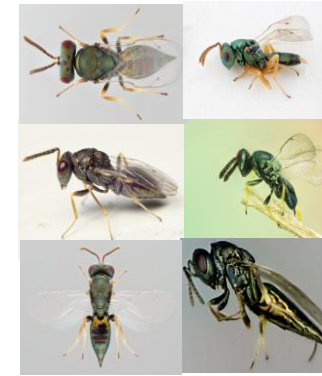
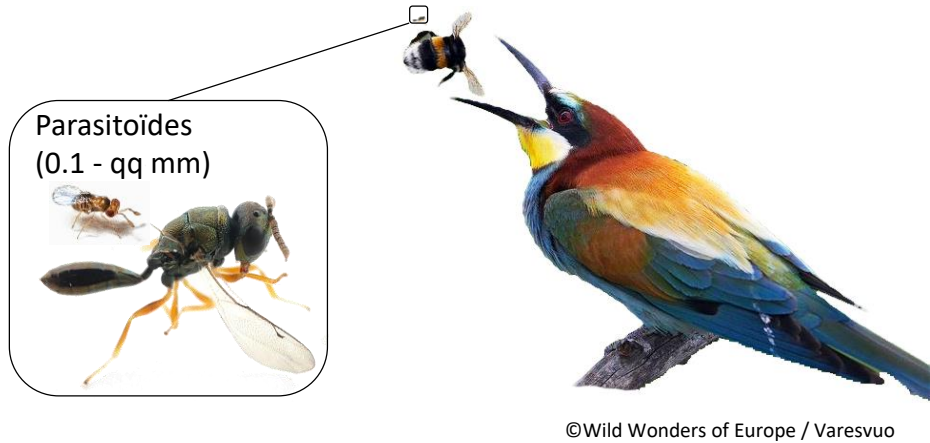


©tenor.com

Contexte – Nos faiblesses pour caractériser les réseaux

➤ Première faiblesse = Difficulté à identifier correctement les espèces et leurs interactions

➔ **Défis parasitoïdes** : Hyper-divers (75,000 spp décrites monde), minuscules (1mm pour la plupart), morphotypes similaires dans beaucoup de groupes.



Pteromalus (ca 500 spp)

➔ **Taxonomie floue pour groupes de ravageurs** (e.g. psylles, aleurodes, cochenilles – vecteurs de pathogènes)



©M. Lewis UC Riverside



UC Statewide IPM Project
© Regents, University of California



©Protasov AN/Shutterstock

Contexte – Nos faiblesses pour caractériser les réseaux

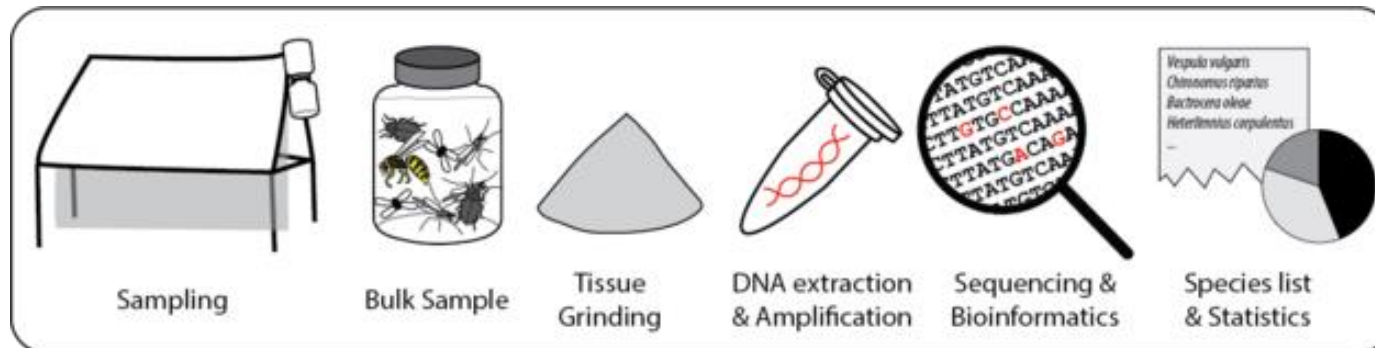
➤ Première faiblesse = Difficulté à identifier correctement les espèces et leurs interactions

➔ Limites du « métabarcoding » utilisé en écologie pour caractériser les communautés : ⇔ Séquençage de spécimens en mélange puis comparaison des séquences (barcodes) obtenues à celles contenues dans les bases de données de référence pour identification

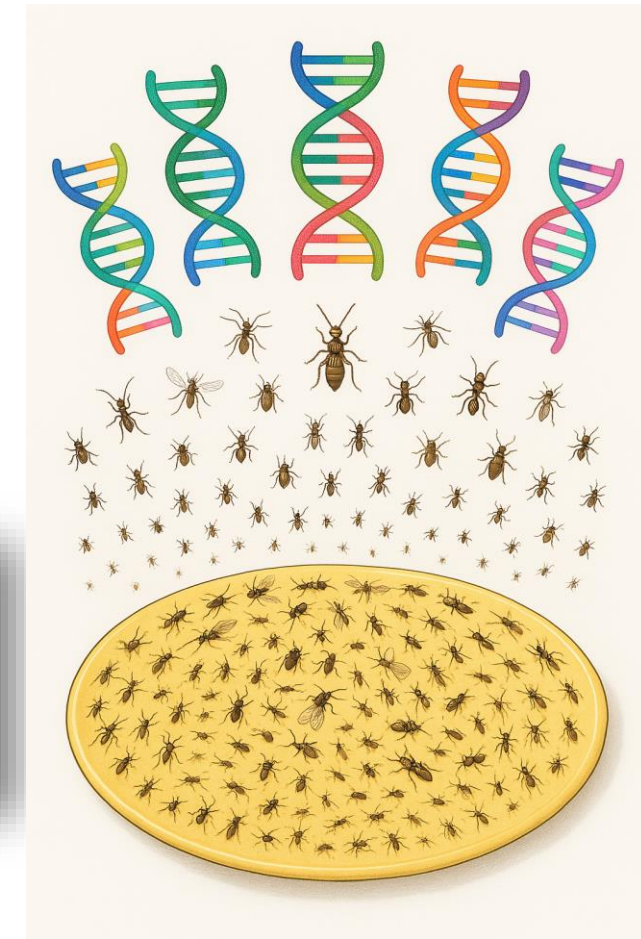
1) Identification hasardeuse car bases de données de barcodes très incomplètes et parfois fausses (vrai pour la majorité des Arthropodes sauf groupes emblématiques e.g. papillons de nuit)

2) Dénombrement des individus et caractérisation des interactions entre espèces impossibles

➔ Difficulté à screener massivement les populations de vecteurs et de plantes pour détecter et caractériser les pathogènes qu'il portent.

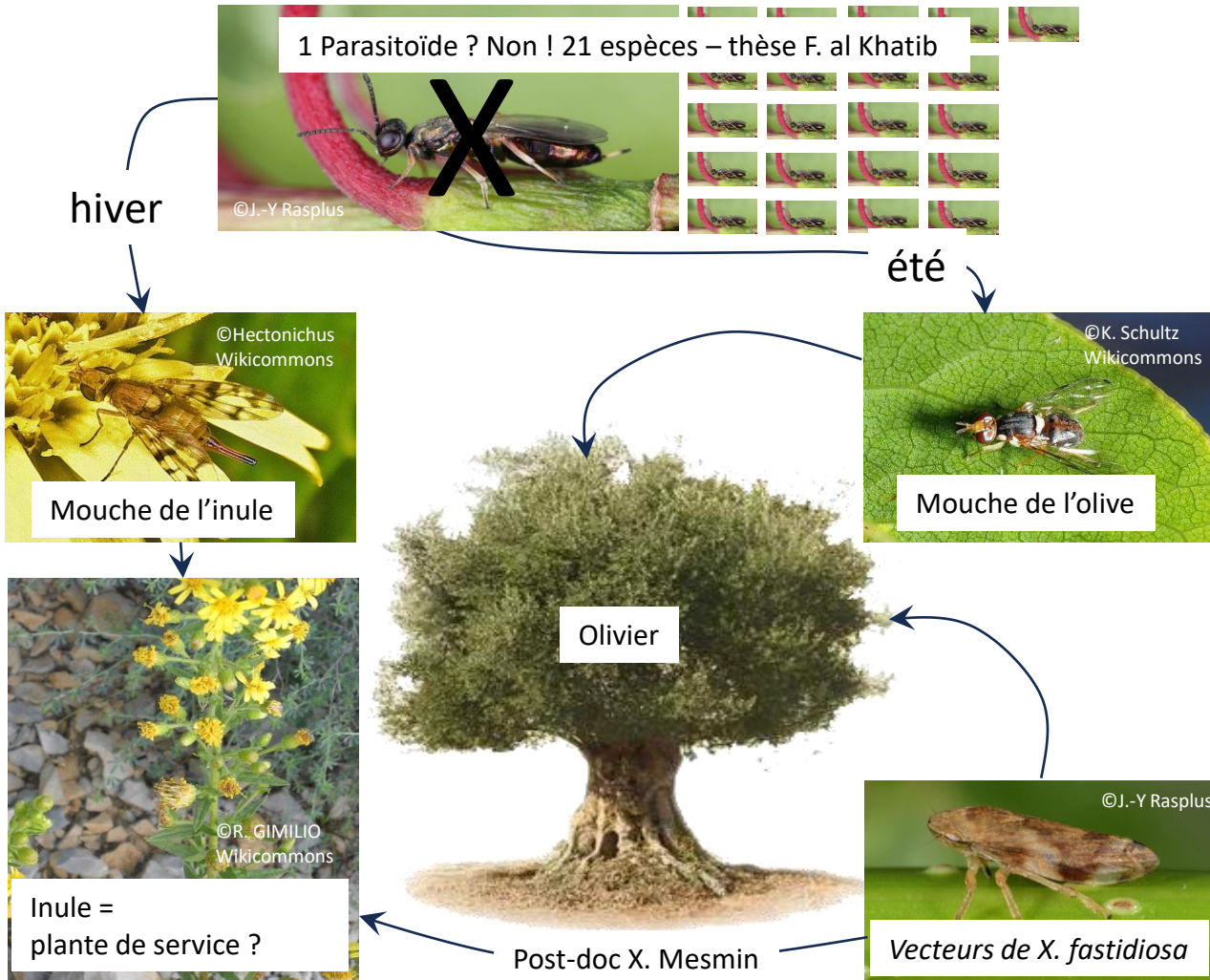


©Museum Koenig



Contexte – Nos faiblesses pour caractériser les réseaux

- **Seconde faiblesse : Etudes avec identifications peu robustes et périmètre trop étroit**



- **Conclusions erronées** : plante supposée de service (lutte contre la mouche de l'olive) serait plutôt une plante de disservice (attraction de vecteur de *X. fastidiosa* – phytopathogène) !
- **Périmètre étroit (focus non adapté à la taille des réseaux) en partie lié à des difficultés techniques à l'acquisition de données massives sur les communautés**

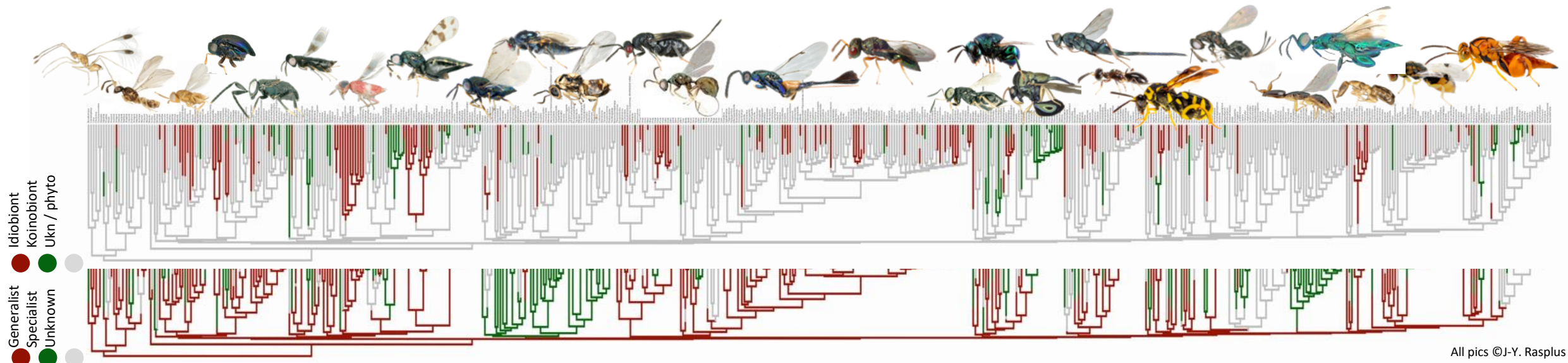
Contexte – Nos faiblesses pour caractériser les réseaux

➤ Troisième faiblesse = Histoire évolutive mal connues, traits biologiques peu documentés, et difficiles à synthétiser manuellement quand disponibles

➔ Hypothèses phylogénétiques (arbre des parentés) pour les parasitoïdes et beaucoup de groupes de ravageurs encore rares
+ Difficulté à compiler manuellement les informations biologiques disponibles sur les espèces dans une littérature foisonnante

➔ Peu de recul sur l'évolution des traits de vie, difficile d'estimer les traits non documentés (en particulier les interactions possibles entre les espèces).

⇔ On pourrait essayer de prédire ces traits et les interactions et donc d'anticiper la déstabilisation des réseaux face à un ravageur/vecteur invasif ou à un agent de biocontrol lâchés (via des algo de machine learning) mais on n'a pas de training set.



Contexte – Progrès récents

Progrès récents en **sciences du numérique** qui permet d'envisager des développements en/sur

- Vision numérique [reconnaissance d'images assistée par IA]
- Modèles de langage (LLMs) [type ChatGPT]
- Modélisation spatiale ⇔ extrapolation géographique en s'appuyant sur des sources de données massives mais hétérogènes (e.g. bases de connaissances publiques, données issues des sciences participatives -Pl@ntnet-, images satellites)

Progrès récents en **séquençage** en temps réel (ONT) **en lien avec l'IA** : fiabilité accrue pour coûts réduits. Beaucoup de séquences ADN, peu de temps, on peut envisager des caractérisation massives des communautés individu par individu // on peut envisager de screener les pathogènes dans les vecteurs (ReadUntil /SquiggleNet)

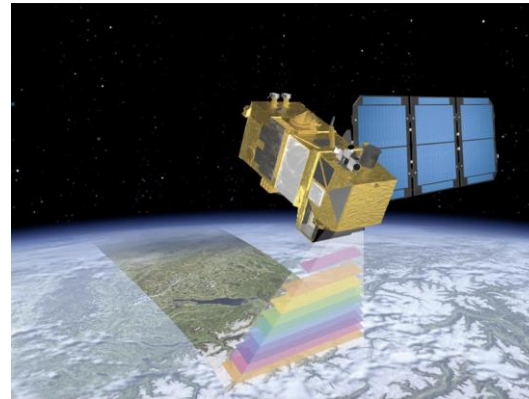


LMMs

Images créées par DALL.E



Vision numérique



©Airbus Defence and Space



Séquençeur Promethion /MinION
(Oxford Nanopore Technology)

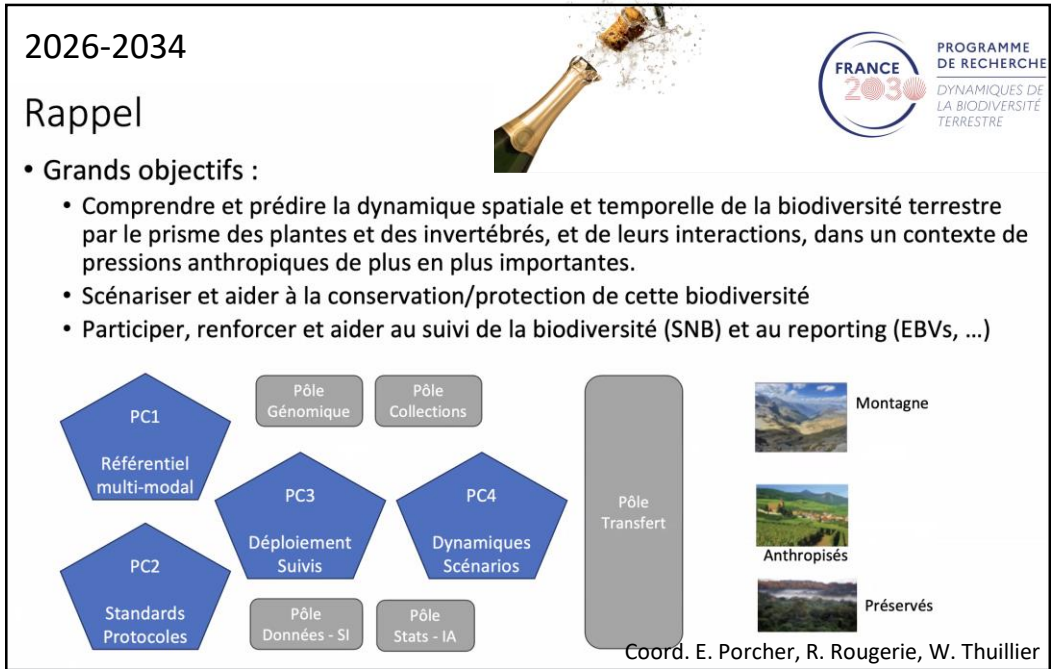
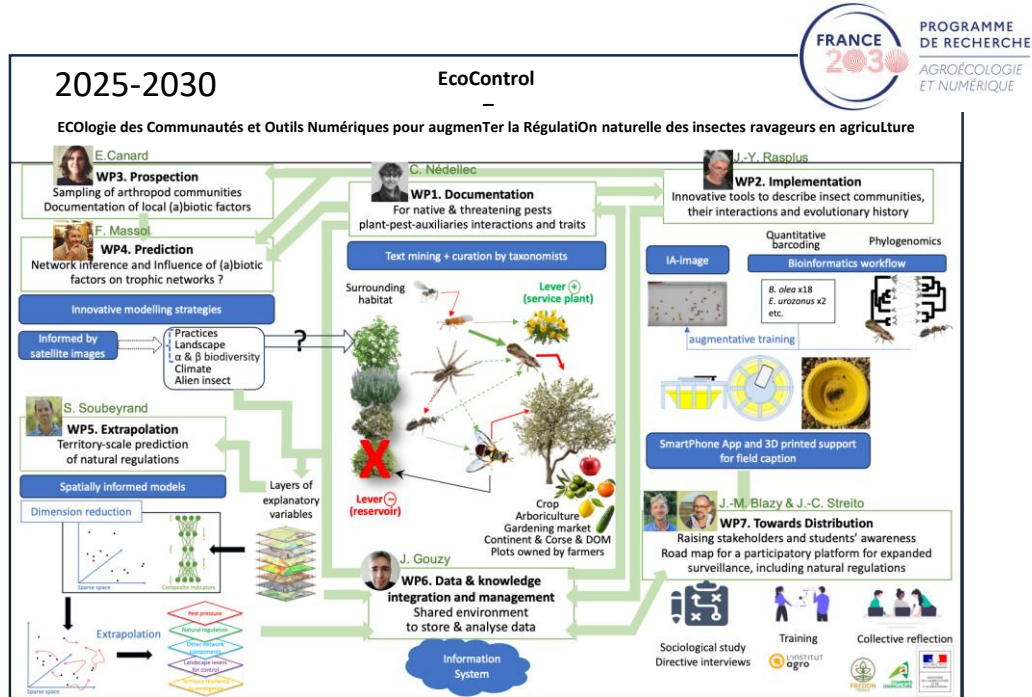
- ➔ On va pouvoir acquérir plus vite plus de données pertinentes ➔ On devrait pouvoir mieux caractériser les réseaux d'interaction
- ➔ On devrait pouvoir mieux identifier les leviers sur lesquels agir pour augmenter la régulation des ravageurs par leurs ennemis naturels

Projets en cours



« Proof of concept »

Mise en place d'outils BM et vision numérique pour la caractérisation massive des communautés de ravageurs et parasitoïdes Olive et Citrus Corse Continent



Objectif final

Système d'information pour l'entomofaune et les plantes françaises [Continent Corse DOM], en particulier ravageurs et auxiliaires des cultures

Contenant images / barcodes / traits biologiques

Fournissant des workflows analytiques

Pour aider l'épidémiosurveillance, la transition agro-écologique, améliorer les suivis et aider à la conservation de la biodiversité

[co-construction avec les porteurs et porteuses d'intérêt (Instituts techniques, surveillance du territoire, parcs nationaux etc.)]

Soubeyrand et al.
CABI Agriculture and Bioscience (2024) 5:72
<https://doi.org/10.1186/s43170-024-00273-8>

CABI Agriculture
and Bioscience 

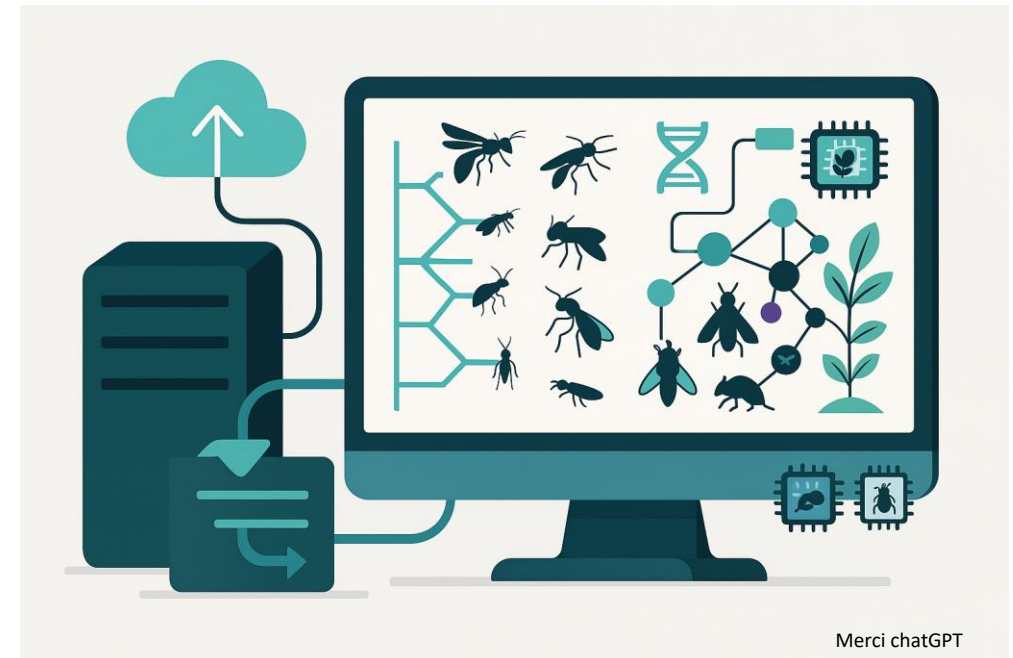
REVIEW

Open Access

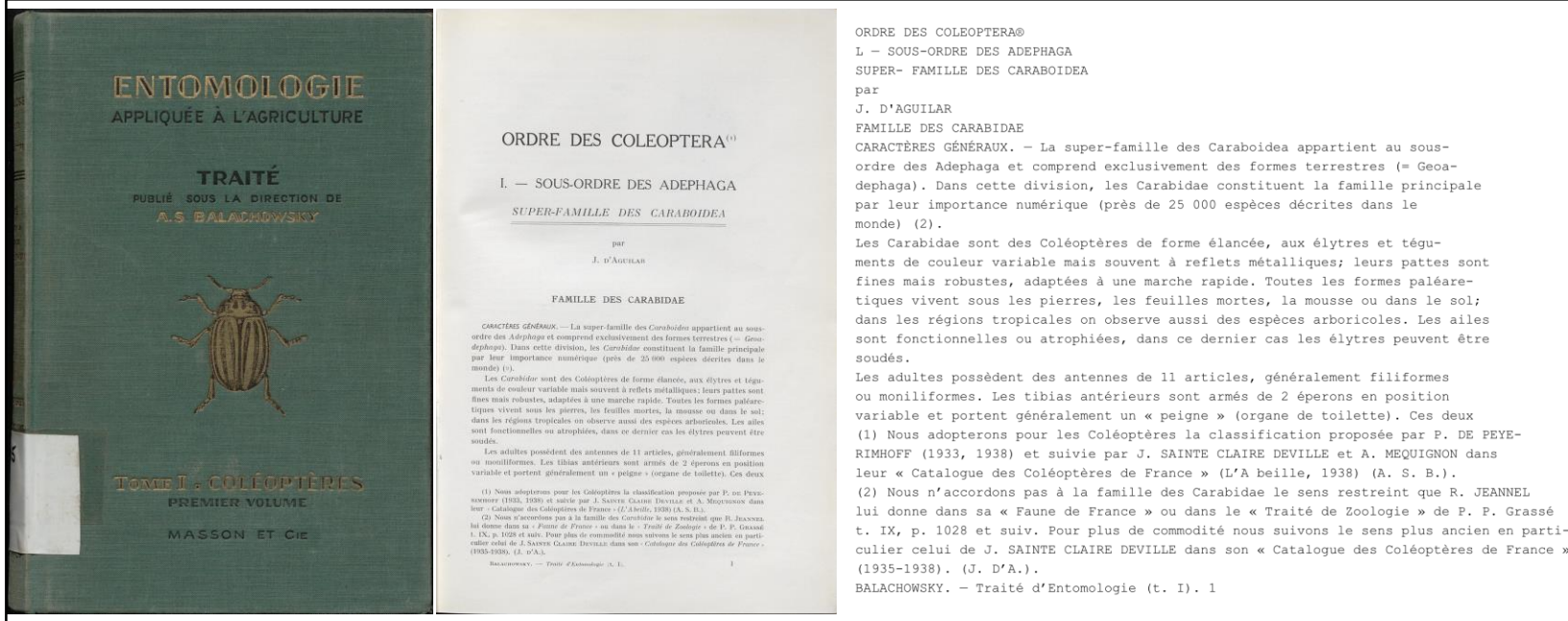
Building integrated plant health surveillance: a proactive research agenda for anticipating and mitigating disease and pest emergence



S. Soubeyrand^{1*}, A. Estoup², A. Cruaud², S. Malembic-Maher³, C. Meynard², V. Ravigné⁴, M. Barbier⁵, B. Barrès⁶, K. Berthier⁷, S. Boitard², S. Dallot⁴, S. Gaba⁸, M. Grosdidier⁹, M. Hannachi¹⁰, M.-A. Jacques¹¹, M. Leclerc¹², P. Lucas¹³, D. Martinetti¹, C. Mougél¹², C. Robert¹⁴, A. Roques¹⁵, J.-P. Rossi², F. Suffert¹⁶, P. Abad¹⁷, M.-A. Auger-Rozenberg¹⁵, J.-S. Ay¹⁸, M. Bardin⁷, H. Bernard¹⁹, D. A. Bohan²⁰, T. Candresse³, P. Castagnone-Sereno¹⁷, E. G. J. Danchin¹⁷, C. E. L. Delmas²¹, P. Ezanno²², F. Fabre²¹, B. Facon², E. Gabriel¹, J. Gaudin⁷, B. Gauffre²³, M. Gautier², C. Guinat²⁴, C. Lavigne²³, O. Lemaire²⁵, C. Martinez¹, L. Michel⁹, B. Moury⁷, K. Nam²⁶, C. Nédellec²⁷, M. Ogliastro²⁶, J. Papaïx¹, N. Parisey¹², S. Poggi¹², A. Radici¹, J.-Y. Rasplus², X. Reboud²⁰, C. Robin²⁸, M. Roche²⁹, A. Rusch²¹, N. Sauvion⁴, J.-C. Streito², E. Verdin⁷, A.-S. Walker¹⁶, A. Xuéreb², G. Thébaud⁴ and C. E. Morris⁷



“Text Mining”



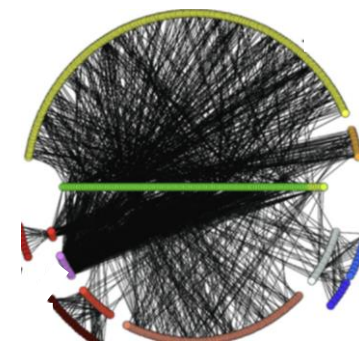
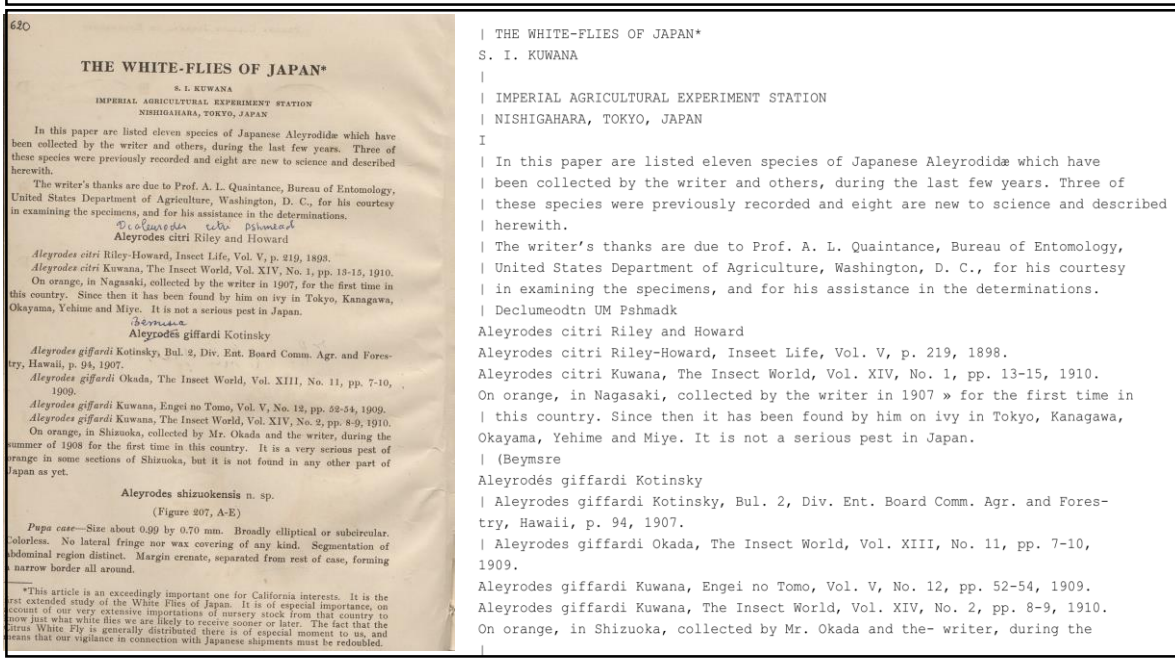
Phase d’OCRisation en cours



LLMs

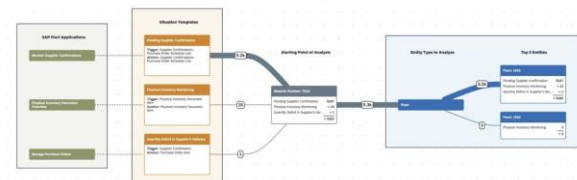


Traits



Graphe d’interactions

Pocock et al. 2012



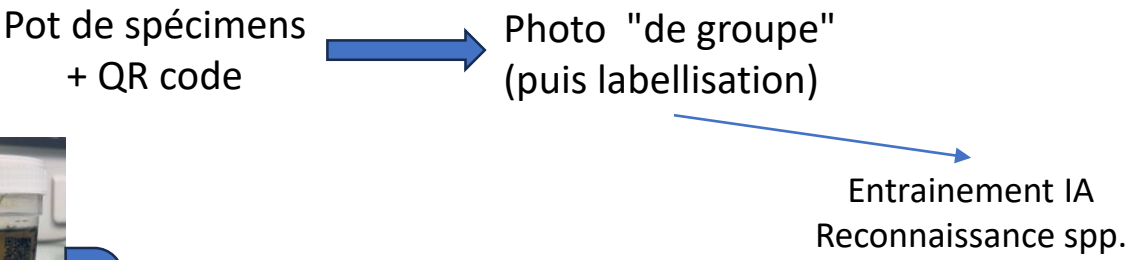
Graphe de connaissances

<https://news.sap.com/>

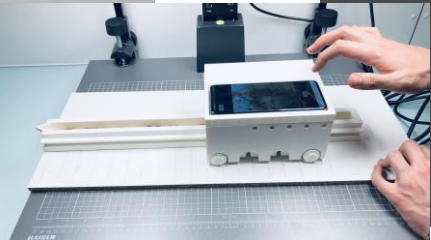
WORFLOW ONT + vision numérique



Jean-Baptiste Carluer, Post-doc
Coll. Start-up CNRS BionomeeX (IA)



Système ergonomique & peu couteux utilisable « au champ »
- SmartPhone + impression 3D -



Interface de labellisation intégrant la classification taxref

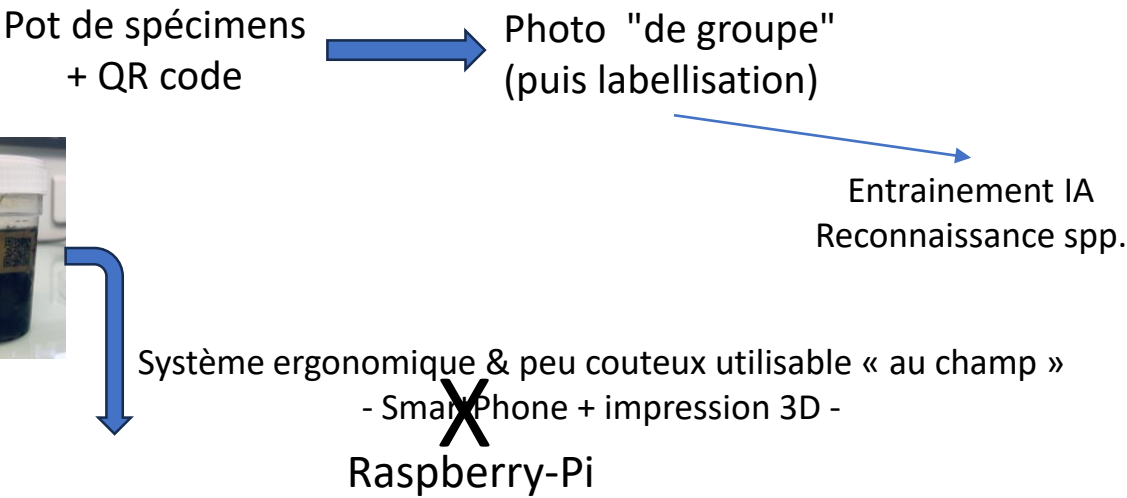
Liste des Annotations

❌ 1: (234, 306), (181, 183) - Pas de label

Type	Valeur
Espèce	Culex
Genre	Culex abonnenci
Famille	Culex accelerans
Ordre	Culex adamesi
	Culex albinensis
	Culex alcocki
	Culex alinkios
	Culex alogistus
	Culex amazonensis
	Culex americanus
	Culex annulirostris



WORFLOW ONT + vision numérique



En cours, entrainement IA pour « Cropping » automatique

1er : Astrid CRUAUD 15

Astrid CRUAUD 15

Jean-baptiste Carlier 1

Dernier : Marguerite Charlois 0

Absent

Taper sur flèche directionnelle gauche si l'insecte est absent, flèche directionnelle droite s'il est présent.

■ Ne plus afficher ce tutoriel

J'ai compris

Présent

1er : Astrid CRUAUD 31

Astrid CRUAUD 31

Jean-baptiste Carlier 1

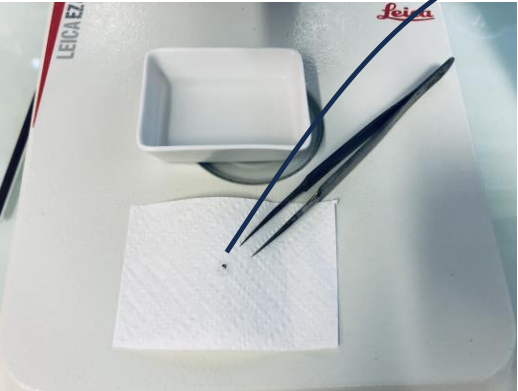
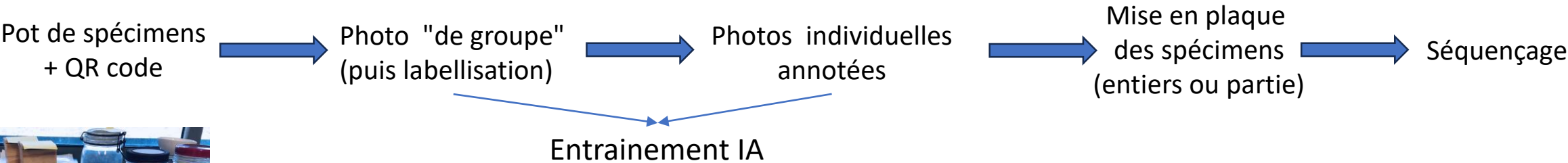
Dernier : Marguerite Charlois 0

Absent

Présent



WORFLOW ONT + vision numérique



Retour au menu principal

Remplissage des Micropuits

Sélectionnez la plaque : Plaque OLICIT_R01FLG001 [Nouvelle plaque](#)

Sélectionnez le pot : -- Sélectionner un pot -- [Nouveau pot](#)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	J											
B	J											
C	J											
D	J											
E	J											
F	J											
G	J											
H	J											

Légende des puits :

- T_Extraction
- 1
- T_PCR

Informations du puit A1 ?

Importer photo : [Choisir un fichier](#) [Aucun fichier choisi](#)

Ou

Capturer [Sélectionner une source](#) [Démarrer](#)

Espèce : **Aucun insecte indiqué**

Genre : **Aucun insecte indiqué**

Famille : **Aucun insecte indiqué**

Ordre : **Hymenoptera** (3)

Identifié par : Jean-Claude Streito

Ajoutez un commentaire sur ce puits

[Suivant](#)

Image :

MicroPlate Filler



Action

Gestion

Remplissage des Microplaques

Gestion des Pots

Annotation des photos individuelles

Gestion des Microplaques

Cropping

Gestion des Taxons

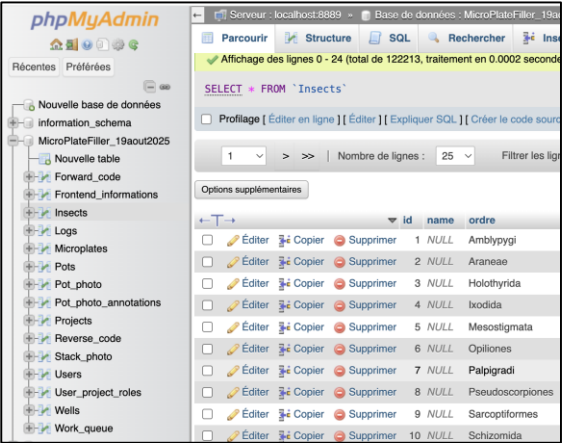
Annotations des Crops

Exporter Projet

InsectMatch

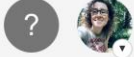
Transfert

Gestion Utilisateurs & Projets



[Retour au menu principal](#)

Annotation des photos individuelles



Recherche avancée :

Ordre Rechercher par ...

Éléments par page : Montrer ☐ Images par ligne :



Correction de l'identification OLIC00001_B10



Type	Valeur	Speak
Espèce	Écrire ou utiliser la voix	Parler
Genre	Platygaster	Parler
Famille	Platygastidae	Parler
Ordre	Hymenoptera	Parler



☐	OLIC00001		OLICIT	Ajouter un reverse 1	Ajouter un code de séq	PCR Taq Qiagen		2024-10-30_O_FOND_AP1_DVAC2024-09-05_O_GALI_CB2_DVAC2024-09-16_O_REST_HB2_DVAC2024-09-16_O_MONT_AB1_DVAC2024-09-18_O_BEAU_CP2_DVAC2024-09-17_O_FOND_AB2_DVAC
☐	OLIC00002		OLICIT	Ajouter un reverse 2 Ajouter un reverse 12	Ajouter un code de séq	PCR Taq Qiagen (rev2) et DreamTaq		2024-09-17_O_FOND_AB2_DVAC2024-10-15_O_CHAP_HB1_DVAC2024-10-15_C_TOX_CP2_DVAC2024-10-15_O_CHAP_CB2_DVAC
☐	OLIC00003		OLICIT	Ajouter un reverse 3	Ajouter un code de séq	PCR Taq Qiagen		2024-10-14_C_AGUI_CB2_DVAC
☐	OLIC00004		OLICIT	Ajouter un reverse 4	Ajouter un code de séq	PCR Taq Qiagen		2024-10-14_C_AGUI_CB2_DVAC2024-07-08_C_GUIISO_HB2_DVAC2024-07-10_C_GUIA_AP1_DVAC2024-09-17_C_TOX_AP1_DVAC2024-10-14_C_GUIISO_AB1_DVAC
☐	OLIC00005		OLICIT	Ajouter un reverse 5	Ajouter un code de séq	PCR Taq Qiagen		2024-09-17_C_TOX_AP1_DVAC2024-07-23_C_TOX_CP2_DVAC2024-10-14_C_GUIISO_AB1_DVAC2024-10-14_C_AGUI_CB2_DVAC2024-07-08_C_GUIISO_HB2_DVAC

☐	Nom du projet	Membres	Microplaque	Pots	Exporter projet BM	Exporter projet crop
☐	OLICIT		PHLO_Ext_577-641PHLO_Ext_577-641-AFTER_BMOLIC00001OLIC00002 Voir plus (6)	2024-09-18_O_BEAU_CP2_DVAC2024-09-16_O_MONT_AB1_DVAC Voir plus (108)	Exporter (.tsv) Exporter les statistiques (.tsv)	Exporter (.tsv) Exporter les statistiques (.tsv)

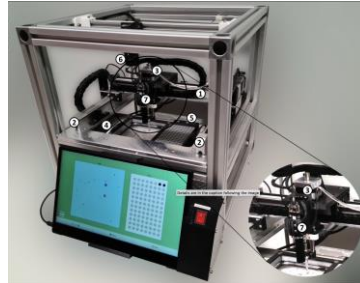
MOLECULAR ECOLOGY RESOURCES

RESOURCE ARTICLE |  Open Access |  

DiversityScanner: Robotic handling of small invertebrates with machine learning methods

Lorenz Wühlrl, Christian Pylatiuk , Matthias Giersch, Florian Lapp, Thomas von Rintelen, Michael Balke, Stefan Schmidt, Pierfilippo Cerretti, Rudolf Meier 

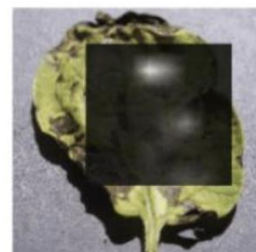
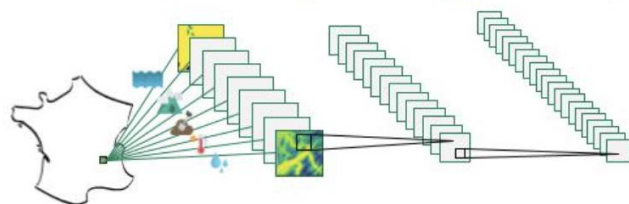
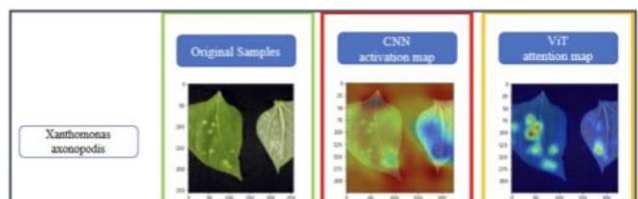
First published: 04 December 2021 | <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13567> | Citations: 17



Un Robot qui:

- 1) **Prendrait des photos** de contenus de pièges, d'insectes individuels **pour l'entraînement des IA** (zoom nécessaire sur les petits – couplage avec agitateurs pour prise de vue sous différents angles ?)
- 2) **Une fois relié à une IA entraînée, identifierait les spécimens à l'espèce.**
- 3) **Pipeterait les spécimens qu'il n'arrive pas à identifier** avec un score de confiance sup. à un seuil fixé pour les mettre dans une plaque. **L'identification se ferait alors par une approche moléculaire.**
- 2b) **Relié à une IA entraînée et à un système d'information alerterait sur la présence d'une espèce envahissante**
- 3b) **Pipeterait les spécimens qui appartiennent aux espèces d'une liste donnée. Par exemple des vecteurs pour tester s'ils portent des virus/bactéries, des larves de ravageurs pour calculer des taux de parasitisme, des prédateurs pour déterminer ce qu'ils ont consommé, etc.**

Vers une reconnaissance automatisée des maladies végétales, pour une plateforme d'épidémiosurveillance citoyenne à grande échelle



Pl@ntAgroEco

Caractérisation de la biodiversité associée aux cultures à partir d'images de couverture (inter-rang, fossés agricoles, etc.)

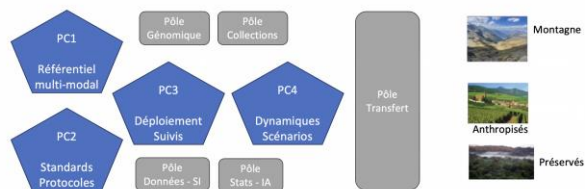


2026-2034

Rappel

• Grands objectifs :

- Comprendre et prédire la dynamique spatiale et temporelle de la biodiversité terrestre par le prisme des plantes et des invertébrés, et de leurs interactions, dans un contexte de pressions anthropiques de plus en plus importantes.
- Scénariser et aider à la conservation/protection de cette biodiversité
- Participer, renforcer et aider au suivi de la biodiversité (SNB) et au reporting (EBVs, ...)



Merci pour votre attention !



Equipe INRAE CBGP : M. Chartois, Jean-Baptiste Carluer (Post-doc IA), A. Cruaud, T. Delauney, G. Genson, S. Nidelet, E. Pierre, J.-Y. Rasplus, J.-P. Rossi, J.-C. Streito

Equipe INRAE AGAP : E. Carlut, L. Julhia, Tom Scotto Di Marco (CDD TR)

Equipe BionomeeX : C. Carré, N. Roche

