

**OPTIMISER LE PATRON DE DÉPISTAGE DES RAVAGEURS DES SEMIS DANS LES
GRANDES CULTURES EN FONCTION DES SUPERFICIES ET DES
CARACTÉRISTIQUES DES CHAMPS**

CERO-1-16-1759

Mai 2017 / Février 2019

RAPPORT FINAL

Réalisé par :

Sébastien Boquel, CÉROM

Alexis Latraverse, CÉROM

Membre ayant participé au projet :

Geneviève Labrie, CÉROM

Février 2019

Les résultats, opinions et recommandations exprimés dans ce rapport émanent de l'auteur ou des auteurs et n'engagent aucunement le ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation.

OPTIMISER LE PATRON DE DÉPISTAGE DES RAVAGEURS DES SEMIS DANS LES GRANDES CULTURES EN FONCTION DES SUPERFICIES ET DES CARACTÉRISTIQUES DES CHAMPS

CERO-1-16-1759

RÉSUMÉ DU PROJET

Les dépistages effectués au cours des dernières années dans différentes régions du Québec ont montré que les larves de taupins (Coleoptera : Elateridae), ou vers fil-de-fer (VFF), étaient les ravageurs des semis les plus fréquents et abondants dans les champs de grandes cultures. De ce fait, ils constituent donc le groupe de ravageurs le plus susceptible de poser un risque pour les semis, notamment lors de la germination. Le dépistage des VFF s'effectue généralement au printemps à l'aide de pièges-appâts. Selon différentes études réalisées à travers le monde et au Québec (Réseau d'avertissements phytosanitaires (RAP) Grandes cultures 2018), il est suggéré d'utiliser dix pièges par champ pour évaluer et surveiller les populations de VFF. Le RAP, ainsi que de nombreux projets de recherche, utilisent de façon systématique ce nombre de 10 pièges par champ. Toutefois, ce chiffre est empirique et est utilisé du fait du coût important du piégeage. La distribution spatiale des VFF au champ peut avoir un impact sur la précision de l'estimation de la densité de population, et donc, sur le risque d'observer des dommages. Cela peut aussi avoir un impact sur les décisions à prendre dans le cadre d'une bonne gestion intégrée de ces ravageurs des semis. Une meilleure connaissance de la distribution spatiale de l'espèce principale au Québec, le taupin trapu (*Hypnoidus abbreviatus*; *HyAb*) permettrait donc d'optimiser le dépistage et de s'assurer d'une fiabilité maximale du piégeage.

Les résultats de cette étude ont montré que la distribution spatiale des larves de *HyAb* était agrégée lorsque les densités de populations étaient élevées (supérieures à $\approx 0,35-0,40$ larve/piège), mais qu'elle devenait aléatoire à des densités plus faibles. Les résultats ont également montré que la précision de l'estimation de la densité moyenne d'une population augmentait avec (i) le nombre de pièges, (ii) la densité de population et (iii) la proportion de pièges avec présence de larves. La présence d'un gradient de population a été détectée dans près de la moitié des relevés, ce qui peut entraîner des estimations de population très différentes dépendamment de la position des pièges dans le champ (haut vs bas du gradient). Par ailleurs, les résultats ont montré que la corrélation spatiale ne dépassait pas 25 m dans les neuf champs dépistés en 2017 et 2018. Finalement, un modèle permettant de déterminer le nombre de pièges nécessaire pour estimer une densité de population avec un niveau de précision donné a été développé.

Au terme de cette étude, il semblerait que l'espacement de 25 m entre les pièges-appâts actuellement utilisé par le RAP dans le cadre du dépistage des VFF soit suffisant pour assurer l'indépendance spatiale entre les pièges, et ainsi éviter un biais dans l'estimation des densités de population de *HyAb*. En revanche, le nombre de pièges utilisé (10 pièges) serait légèrement insuffisant pour détecter une densité de population de 3 larves/piège (seuil d'intervention pour *HyAb*) avec une précision suffisante. Il serait recommandé d'augmenter à 12 le nombre de pièges par site, afin d'obtenir une estimation plus précise. De plus, pour les champs n'ayant aucun historique de dépistage, il serait préférable d'effectuer un premier dépistage avec 20 pièges, de manière à pouvoir détecter des niveaux de population relativement bas. Finalement, pour éviter un éventuel biais lié à la présence d'un gradient de population, il serait recommandé d'utiliser deux grilles de six pièges en des endroits différents du champ.

OBJECTIFS ET APERÇU DE LA MÉTHODOLOGIE

L'objectif général de l'étude était d'optimiser le piégeage des larves de *Hypnoidus abbreviatus* (*HyAb*) dans les grandes cultures au Québec en déterminant (i) le patron de distribution des populations de larves de *HyAb* dans les champs, (ii) le nombre de pièges-appâts nécessaires pour déterminer si le seuil d'intervention est atteint, et (iii) l'impact de l'humidité du sol, de la température et du type de sol sur la migration des larves de *HyAb*.

Volet 1. Étude de la distribution spatiale des larves de HyAb au sein des champs.

Sites

Une base de données a été compilée à partir des données de piégeage de vers fils-de-fer (VFF) pour 326 champs dépistés entre 2012 et 2017 dans le cadre de différents projets de recherche du CÉROM et par le Réseau d'avertissements phytosanitaires (RAP). Dans chaque champ, 10 ou 18 pièges-appâts (selon le projet) étaient installés au printemps et relevés une fois par semaine pendant une à six semaines, pour un total de 801 relevés (site x date). Comme certains des pièges étaient perturbés ou encore non retrouvés, seuls les relevés avec au moins huit pièges ont été conservés. Aussi, seuls les relevés avec deux captures de larves de *HyAb* ont été conservés afin de pouvoir étudier l'agrégation. La base de données finale comptait donc 284 relevés à travers 157 champs.

Distribution spatiale

Pour chacun des relevés, différentes méthodes ont été utilisées pour décrire la distribution spatiale des larves de *HyAb* dans les champs : (1) le ratio variance/moyenne (λ), (2) le paramètre k de la distribution binomiale négative (DBN), calculé selon la méthode du maximum de vraisemblance, (3) les tests d'ajustement du khi-deux pour les distributions de Poisson et binomiale négative, et (4) le paramètre b de la loi de puissance de Taylor (LPT). Ces différentes méthodes sont décrites plus en détail à l'Annexe A.

Les densités moyennes de population ont été comparées entre les types de distribution (aléatoire ou agrégée) à l'aide d'une ANOVA. Les densités ont été préalablement normalisées à l'aide d'une transformation $\log(x)$.

Précision obtenue a posteriori pour l'estimation de la densité de population

Pour chacun des relevés, le niveau de précision (D) obtenu pour l'estimation de la moyenne a été calculé par le coefficient de variation de la moyenne:

$$D = \frac{s}{\hat{m}\sqrt{N}} = \frac{SE_{\hat{m}}}{\hat{m}} \quad (1)$$

où \hat{m} est la moyenne, s est l'écart-type, N est le nombre d'unités d'échantillonnage, et $SE_{\hat{m}}$ est l'erreur-type de la moyenne.

Volet 2. Détermination du nombre de pièges nécessaires pour optimiser le dépistage des larves de *HyAb*.

Sites

Des champs de maïs-grain ont été sélectionnés en Montérégie (2 en 2017 et 2 en 2018), au Centre-du-Québec (2 en 2017 et 1 en 2018) et en Chaudière-Appalaches (2 en 2017). Les sites ont été sélectionnés en raison de leurs populations abondantes de VFF (basé sur de précédents dépistages) ou parce qu'ils présentaient un facteur de risque moyen ou élevé selon l'outil [VFF QC](#). Les différents types de sol des champs à l'étude (sol organique, loam sableux et loam argileux) ont été vérifiés sur le site [Info-Sols](#).

Dispositif expérimental

Dans chacun des champs, une grille de 100 stations d'échantillonnage (espacées de 12,5 m les unes des autres) a été installée juste après le semis. En raison des dimensions très variables des champs en 2017, la configuration des grilles d'échantillonnage a dû être ajustée pour chaque champ. En 2018, les 100 stations d'échantillonnage ont été disposées selon une grille rectangulaire de 5 x 20 stations (**Figure 8 en Annexe B**).

Échantillonnage

Un piège-appât, composé de grains de blé et de gruau, était enterré à chacune des stations, puis récolté 7 à 10 jours plus tard. Un seul relevé a été réalisé en 2017, alors que trois relevés ont été effectués en 2018. En 2018, la grille d'échantillonnage a été déplacée de 6,25 m dans le sens de la longueur après le premier relevé de pièges-appâts (**Figure 8 en Annexe B**) et un nouveau piège-appât était placé. La même chose a été réalisée après le deuxième relevé, mais en décalant la grille d'échantillonnage initiale de 6,25 m dans le sens de la largeur (**Figure 8 en Annexe B**). Cependant, comme les champs n'étaient pas assez larges, le dernier transect n'a pas été décalé et la grille d'échantillonnage ne comptait alors que 80 stations au troisième relevé. Tous les pièges-appâts ont été rapportés au laboratoire et triés manuellement afin de dénombrer les larves de *HyAb*.

Distribution spatiale

La distribution spatiale des larves de *HyAb* a été évaluée pour chacun des relevés à l'aide du ratio variance-moyenne (I), du paramètre k de la DBN et de tests d'ajustement du khi-deux pour les distributions de Poisson et binomiale négative, tel que décrit au volet 1.

Corrélation spatiale et gradient

La corrélation spatiale entre les stations d'échantillonnage a été mesurée pour chacun des relevés à l'aide de la statistique I de Moran. L'analyse a été faite pour des classes de distances de 12,5 m (*i.e.* distance minimale entre deux pièges), et ce, jusqu'à une distance de 62,5 m. Pour chaque classe, un test de significativité a été effectué et les valeurs de p ont été ajustées à l'aide d'une correction de Holm pour tests multiples. Comme les coefficients de corrélation spatiale ne peuvent pas être testés si un gradient (ou tendance linéaire) est présent dans les données, les captures de larves à chacune des stations d'échantillonnage ont été analysées à l'aide d'une régression linéaire en fonction de leurs coordonnées X et Y

dans le champ. En cas de tendance linéaire significative, l'analyse de corrélation spatiale était effectuée sur les résidus du modèle de régression.

Taille minimale d'échantillon

Deux méthodes ont été utilisées pour déterminer la taille minimale d'échantillon (N_{min}) nécessaire pour estimer les densités de population de larves de *HyAb*. Dans un premier temps, le nombre minimal d'échantillons qui aurait été nécessaire a été calculé *a posteriori* pour chacun des relevés à partir de l'équation (1).

Dans un deuxième temps, le nombre minimal d'échantillons nécessaire pour estimer les densités de population avec une précision donnée a été calculé en se basant sur la formule de Green suivante :

$$N_{min} = \frac{a\hat{m}^{b-2}}{D^2} \quad (2)$$

où N_{min} est la taille minimale d'échantillon, \hat{m} est la densité de population, D est la précision souhaitée, et a et b sont les coefficients de la LPT.

Dans les deux cas, la taille minimale d'échantillon a été calculée pour des niveaux de précision (D) de 0,10 et 0,25. Un niveau de précision de 0,10 est généralement utilisé à des fins de recherche, alors qu'une précision de 0,25 est considérée comme acceptable dans un contexte de lutte intégrée.

Volet 3. Étude de l'impact de l'humidité du sol, de la température et du type de sol, sur la migration des larves de *HyAb*.

Dispositif expérimental

L'expérience a été réalisée en 2018 dans des tubes de PVC composés de 4 sections de 10 cm de longueur par 20 cm de largeur retenus ensemble par des collets (**Figure 9 en Annexe C**). L'expérience a été menée en plan factoriel complet avec deux types de sols (loam sableux et organique), trois températures (10, 15 et 20 °C) et trois taux humidités (25, 50 et 75%), pour un total de 18 traitements, répétés trois fois. Les deux types de sols ont été prélevés dans deux champs situés à La Présentation, en Montérégie-Est. Trois échantillons de 25 g de chacun des types de sols ont été prélevés afin de déterminer la capacité maximale de rétention en eau. Les échantillons ont été arrosés à saturation dans des contenants troués et laissés reposer jusqu'à ce que l'eau cesse de s'égoutter. Ils ont ensuite été pesés et mis à l'étuve à 105°C pendant 24 h, puis pesés à nouveaux, ce qui a permis de calculer la teneur maximale en eau du sol (H_{max}). La terre a ensuite été séchée à l'étuve (70 °C pendant 72 h), après quoi trois échantillons ont été prélevés pour mesurer la teneur en eau résiduelle du sol (H_{res}).

Des bacs Rubbermaid® ont été remplis d'une quantité connue de terre (P_{terre}) et de l'eau a été ajoutée pour obtenir les niveaux d'humidité voulus (H_{fin}), soit 25, 50 et 75% de la teneur maximale en eau du sol. La terre a été brassée pour obtenir une humidité homogène. La quantité d'eau nécessaire (Q_{eau}) pour atteindre les différents taux d'humidité a été calculée comme suit :

$$Q_{eau} = \frac{P_{terre}}{(H_{res} + 1)} (H_{max} H_{fin} + 1) - P_{terre} = P_{terre} \left(\frac{H_{max} H_{fin} + 1}{H_{res} + 1} - 1 \right) \quad (3)$$

La terre humidifiée a ensuite été mise dans les tubes. Les tubes ont été placés en Conviron à la température désirée (10, 15 ou 20 °C) pour une période d'acclimatation de 24 h. Dans chacun des tubes, 10 larves de *HyAb* ont ensuite été placées entre les deux sections du bas (sections 3 et 4; 30 cm de profondeur) et un appât (mélange de blé et de gruau) a été placé entre les deux sections du haut (sections 1 et 2; 15 cm de profondeur). Les tubes ont ensuite été laissés au Conviron pendant 7 jours, puis la terre de chacune des sections a été triée manuellement et le nombre de larves a été noté. Les larves utilisées étaient celles récupérées dans les pièges-appâts du volet 2. Celles-ci étaient maintenues à 4 °C dans un mélange de terre (Pro-Mix) et de grains de blé avant le début des tests. Afin de limiter la variabilité entre les répétitions, des larves de tailles similaires ont été utilisées pour l'expérience.

Analyses

Le nombre de larves trouvées dans chacune des quatre sections a été regroupé en deux catégories, soit « Appât » pour les sections 1 et 2, et « Terre » pour les sections 3 et 4. La proportion de larves retrouvées dans l'appât a été analysée à l'aide de modèles linéaires généralisés avec distribution binomiale. Les effets principaux étaient le Type de sol, la Température et l'Humidité. Ceux-ci ont été testés à l'aide de tests du maximum de vraisemblance (*Likelihood Ratio Test* ou LRT). En cas de résultat significatif, les moyennes étaient comparées à l'aide de la procédure LSMEANS avec correction de Holm pour tests multiples. Toutes les analyses ont été effectuées à l'aide du logiciel R v.3.5.1 (R Core Team, 2018).

RÉSULTATS SIGNIFICATIFS OBTENUS

Volet 1. Étude de la distribution spatiale des larves de *HyAb* au sein des champs.

Densités de population

Un total de 3086 larves de *HyAb* a été recensé dans les 284 relevés utilisés pour l'analyse du patron de distribution spatiale des larves de *HyAb*. Les densités de population variaient de 0,11 à 10,8 larves/piège (0,98 larve/piège en moyenne).

Distribution spatiale des larves de *HyAb*

Le ratio variance/moyenne (I) était significativement plus élevé que 1 (distribution agrégée) pour 31% des relevés (**Tableau 1**). Le paramètre k de la distribution binomiale négative présentait des valeurs faiblement positives ($k < 2$; distribution très agrégée) pour 50% des relevés et des valeurs fortement positives ($2 < k < 8$; distribution modérément agrégée) pour 11% des relevés, soit 61% des relevés qui présentaient une distribution agrégée. Tout comme l'indice I , les tests d'ajustement du khi-deux ont déterminé qu'une majorité des relevés (62%) s'ajustaient mieux à la distribution de Poisson (distribution aléatoire) contre 38% pour la distribution binomiale négative (distribution agrégée).

Tableau 1. Nombre (et proportion) de sites présentant une distribution de population de *H. abbreviatus* aléatoire et agrégée selon le ratio variance-moyenne, le paramètre k de la distribution binomiale négative (DBN) et les tests d'ajustement du khi-deux pour les distributions de Poisson et binomiale négative.

Relevés	Ratio variance-moyenne (I)		Paramètre k de la DBN			Tests du khi-deux	
	Aléatoire ($I = 1$)	Agrégé ($I > 1$)	Aléatoire ($k > 8$)	Modérément agrégé ($2 < k < 8$)	Très agrégé ($k < 2$)	Aléatoire (Poisson)	Agrégé (DBN)
284	196 (0,69)	88 (0,31)	113 (0,40)	30 (0,11)	141 (0,50)	177 (0,62)	107 (0,38)

La régression de la LPT a montré une relation linéaire significative entre le logarithme de la variance et le logarithme de la moyenne ($F_{(1, 288)} = 2035$; $p < 0,001$; $R^2 = 0,878$; **Figure 1**). La pente de la droite de régression était positive ($b = 1,41$) et significativement différente de 1 ($t_{(282)} = 13$; $p < 0,001$), indiquant une distribution agrégée des larves de *HyAb* au champ. Il est à noter que la droite de régression coupe la droite de pente 1 (caractéristique d'une distribution de Poisson; en pointillé sur la figure) au point correspondant à une densité moyenne d'environ 0,19 larve/piège. Ceci suggère que la distribution spatiale des larves devient aléatoire lorsque les densités sont faibles.

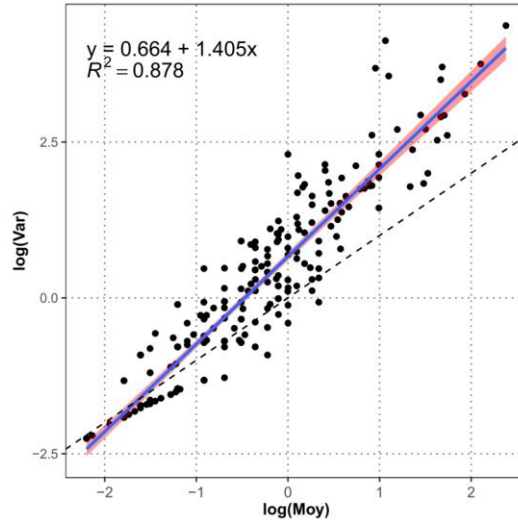


Figure 1. Régression de la loi de puissance de Taylor pour les populations de larves de *H. abbreviatus* ($n = 284$). L'équation de la droite de régression permet de prédire la variance pour une densité de population donnée. La ligne pointillée correspond à une droite de pente $b = 1$ caractéristique de la distribution de Poisson. Une pente significativement supérieure ou inférieure à 1 indique une distribution spatiale agrégée ou uniforme, respectivement. Moy = densité de population moyenne, Var = variance de la population.

Ceci s'observait également pour les différentes méthodes utilisées pour caractériser la distribution spatiale des larves de *HyAb* (Figure 2). En effet, les relevés présentant une distribution agrégée selon l'indice I avaient une densité de population moyenne significativement plus élevée que ceux présentant une distribution aléatoire (1,31 larves/piège contre 0,41 larve/pièges; $F_{(1, 282)} = 135,95$; $p < 0,001$). Pour le paramètre k , les relevés présentant des distributions modérément et très agrégées avaient des densités de population moyennes significativement plus élevées (1,12 et 0,75 larves/piège, respectivement), que ceux ayant une distribution aléatoire (0,36 larve/piège; $F_{(2, 282)} = 31,98$; $p < 0,001$). Finalement, pour les tests d'ajustement du khi-deux, les relevés qui suivaient une distribution binomiale négative (agrégée) avaient une densité de population moyenne significativement plus élevée que ceux qui suivaient une distribution de Poisson, ou aléatoire (1,10 larves/piège contre 0,40 larve/piège; $F_{(1, 282)} = 103,07$; $p < 0,001$).

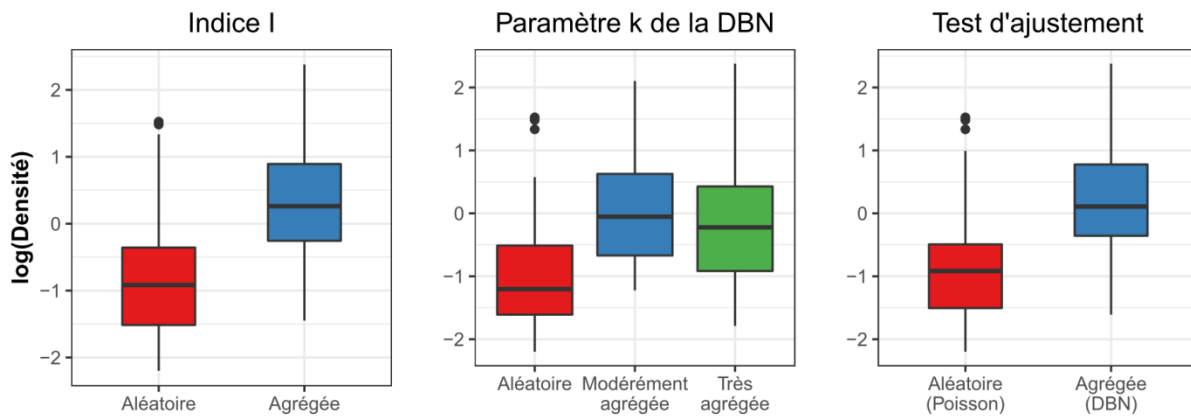


Figure 2. $\log(\text{Densité})$ en fonction du type de distribution selon les indices I et k , ainsi que les tests d'ajustement du khi-deux.

Comme *HyAb* a un cycle court, il est fort probable qu'il ne se disperse que très peu. Ainsi, sa distribution agrégée pourrait s'expliquer par une ponte des œufs en grappe ou individuellement mais assez proches les uns des autres. En revanche, si les œufs sont pondus individuellement et de manière aléatoire, alors l'existence de microhabitats serait probablement l'explication pour sa distribution agrégée. Une mesure des variables environnementales à chaque station (humidité du sol, couvert de mauvaises herbes ou de résidus de culture, compaction, etc.) aurait probablement permis de déterminer si des microhabitats existent pour les larves de *HyAb*.

Précision obtenue a posteriori pour l'estimation de la densité de population

Le niveau de précision (D) obtenu *a posteriori* pour l'estimation de la densité de population moyenne des différents relevés augmentait avec le nombre de pièges utilisés ($\chi_{(1)} = 60,79$, $p < 0,001$; **Figure 3A**). Elle était significativement plus élevée (valeur de D plus petite) pour les relevés avec 100 pièges ($D = 0,12 \pm 0,04$) que pour ceux avec seulement 10 ($D = 0,52 \pm 0,19$) ou 18 pièges ($D = 0,50 \pm 0,14$). Le niveau de précision augmentait rapidement avec des densités de population croissantes jusqu'à des valeurs d'environ 1 larve/piège, mais le gain de précision augmentait faiblement au-delà de cette valeur (**Figure 3B**). De la même manière, le niveau de précision augmentait avec la proportion de pièges présentant des larves (**Figure 3C**). Cette augmentation était plus importante pour les faibles proportions (0 à 0,50), que pour les proportions plus élevées.

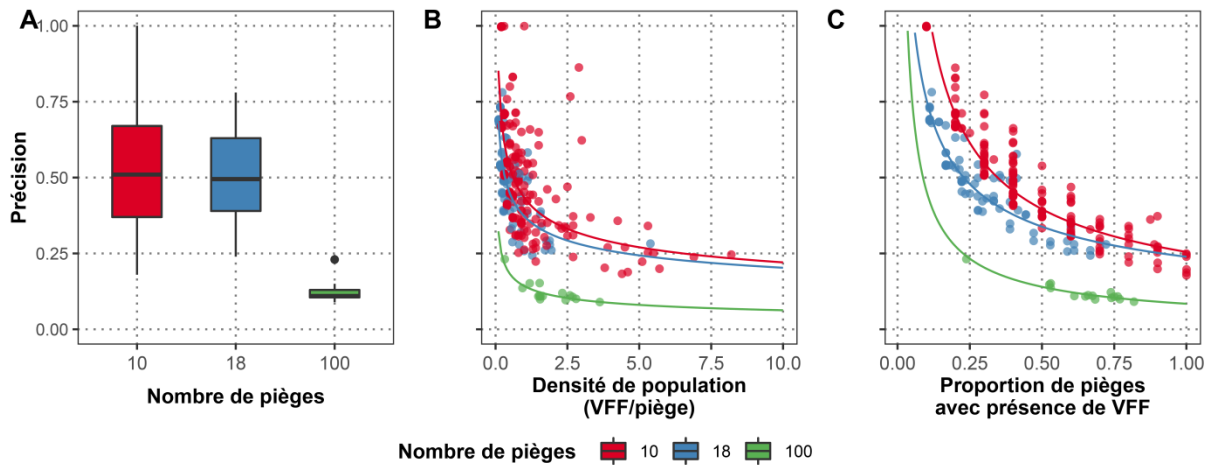


Figure 3. Précision obtenue (en log) en fonction (A) du nombre de pièges, (B) de la densité de population moyenne et (C) de la proportion de pièges avec présence de larves.

Volet 2. Détermination du nombre de pièges nécessaires pour optimiser le dépistage des larves de *HyAb*.

Densités de population

Un total de 2655 larves de *HyAb* a été capturé dans les pièges-appâts des neuf sites dépistés dans le cadre du projet (15 relevés). Les densités de population observées variaient de 0,32 à 3,6 larves/piège (1,9 larves/piège en moyenne) (**Tableau 2**).

Tableau 2 : Densité de population moyenne des larves de *H. abbreviatus* (larves/piège), type de distribution spatiale, présence d'un gradient et/ou de corrélation spatiale, précision obtenue et nombre de pièges nécessaire pour chacun des relevés des sites à l'étude. Le nombre de pièges a été calculé à partir du coefficient de variation de l'erreur-type (CV_{SE}) ou de la formule de Green basée sur la loi de puissance de Taylor (LPT).

Année	No de site	Date de relevé	Nombre de pièges	Proportion de pièges avec larves	Densité de population		Distribution spatiale			Gradient ⁽⁴⁾	Corrélation spatiale ⁽⁴⁾	Précision obtenue	Nombre de pièges nécessaire pour des précisions de $D =$			
					Nombre total de larves	Moyenne (écart-type)	$I^{(1)}$	$k^{(2)}$	Tests d'ajustement du khi-deux ⁽³⁾				CV_{SE} $D = 0,10$	CV_{SE} $D = 0,25$	LPT $D = 0,10$	LPT $D = 0,25$
2017	101	05-25	99	0,82	359	3,63 (± 3,42)	3,22 ***	1,38 ^{TA}	DBN ^A	Oui	-	0,09	89	14	64	10
	102	05-29	99	0,53	152	1,54 (± 2,28)	3,39 ***	0,63 ^{TA}	DBN ^A	Oui	Oui (12,5 m)	0,15	221	35	98	16
	103	06-02	98	0,68	152	1,55 (± 1,60)	1,65 ***	2,06 ^{MA}	DBN ^A	Oui	-	0,10	106	17	98	16
	104	06-02	91	0,77	222	2,44 (± 2,33)	2,23 ***	1,84 ^{TA}	DBN ^A	-	Oui (25 m)	0,10	92	15	75	12
	105	06-08	84	0,24	27	0,32 (± 0,68)	1,44 **	0,81 ^{TA}	DBN ^A	-	-	0,23	448	72	261	42
	106	06-08	98	0,61	150	1,53 (± 1,69)	1,86 **	1,34 ^{TA}	DBN ^A	-	-	0,11	122	19	98	16
2018	201	05-22	100	0,75	268	2,68 (± 2,83)	2,98 ***	1,22 ^{TA}	DBN ^A	Oui	-	0,11	111	18	71	11
		05-29	100	0,53	119	1,19 (± 1,74)	2,54 ***	0,95 ^{TA}	DBN ^A	-	-	0,15	214	34	114	18
		06-06	80	0,68	119	1,49 (± 1,51)	1,53 **	2,79 ^{MA}	DBN ^A	-	-	0,11	103	16	100	16
	202	05-25	100	0,74	280	2,80 (± 2,84)	2,87 ***	1,22 ^{TA}	DBN ^A	-	-	0,10	103	16	69	11
		06-05	100	0,65	156	1,56 (± 1,68)	1,80 ***	1,69 ^{TA}	DBN ^A	-	-	0,11	116	19	98	16
		06-12	80	0,74	186	2,33 (± 2,46)	2,60 ***	1,38 ^{TA}	DBN ^A	-	-	0,12	112	18	77	12
	203	05-25	100	0,66	164	1,64 (± 1,80)	1,98 ***	1,44 ^{TA}	DBN ^A	Oui	-	0,11	121	19	95	15
		06-05	100	0,53	94	0,94 (± 1,34)	1,91 ***	1,32 ^{TA}	DBN ^A	-	-	0,14	203	32	132	21
		06-12	80	0,76	207	2,59 (± 2,64)	2,69 ***	1,45 ^{TA}	DBN ^A	Oui	-	0,11	104	17	72	12

(1) ** = hautement significatif, *** = très hautement significatif

(2) MA = modérément agrégé, TA = très agrégé

(3) DBN = distribution binomiale négative, A = agrégée

(4) - = non

Distribution spatiale des larves de HyAb

Le ratio variance/moyenne (I) était significativement plus élevé que 1 pour tous les relevés, ce qui dénote une distribution agrégée des larves de *HyAb* au champ. Selon le paramètre k de la DBN, les 15 relevés présentaient une distribution agrégée, dont 13 qui étaient très agrégés (valeurs faiblement positives, $k < 2$) et deux qui étaient modérément agrégés ($2 < k < 8$). Les tests d'ajustement du khi-deux ont aussi montré que les 15 relevés s'ajustaient mieux à une distribution binomiale négative, ou agrégée (**Tableau 2**). Ceci supporte les résultats du volet 1 qui montrent que *HyAb* à une distribution agrégée, notamment avec des densités élevées.

Gradient et corrélation spatiale

Une tendance linéaire significative (gradient) a été détectée dans 6 des 15 relevés (**Tableau 2**). La présence d'un gradient peut constituer un problème important, car la densité de population estimée pourrait être très différente en fonction de l'emplacement des pièges dans le champ. Par exemple, pour le site 101 (**Figure 10**), la moyenne estimée serait beaucoup plus faible si les pièges étaient placés sur la gauche du champ (bas du gradient) que s'ils étaient placés sur la droite (haut du gradient). Bien que la présence d'un gradient ne puisse être déterminée à l'avance, elle peut être vérifiée *a posteriori*. Dans le cas où un fort gradient est présent, un second dépistage pourrait être effectué en un autre endroit du champ afin de confirmer l'estimation de la densité. Cependant, il ne serait pas possible de déterminer si la différence entre ces deux relevés (s'il y en a une) est due au gradient ou à la date de piégeage.

La présence d'une corrélation spatiale significative a été détectée pour seulement 2 des 15 relevés (**Tableau 2; Figure 10 en Annexe D**). Dans le cas du site 104, la corrélation s'étendait jusqu'à une distance de 25 m, alors que dans le cas du site 102, elle n'était que de 12,5 m. Comme la présence de corrélation spatiale peut biaiser l'estimation de la moyenne, il est important que les observations soient réparties uniformément dans tout le champ, tout en conservant une distance minimale de 25 m entre deux pièges, ce qui peut être obtenu par un patron d'échantillonnage systématique (comme c'est le cas dans la présente étude et pour le RAP).

Précision obtenue a posteriori pour l'estimation de la densité de population

Les niveaux de précision obtenus dans les champs dépistés en 2017 et 2018 variaient de 0,09 à 0,23 (**Tableau 2**). Une relation positive entre la précision et la proportion de pièges avec larves a été observée de même que pour les densités de population. Malgré un grand nombre de pièges placés dans le site 105, ce dernier présentait à la fois une faible densité de population (0,32 larve/piège) et une faible proportion de pièges avec présence de larves (0,24) résultant en une faible précision de l'estimation de la moyenne de population de ce champ (0,23).

Taille minimale d'échantillon

À partir des moyennes et des écart-types calculés pour chacun des relevés, il a été possible de déterminer, *a posteriori*, le nombre minimal de pièges qui aurait été nécessaire pour estimer la densité de population de chacun des relevés. Dans le cadre de dépistages en lutte intégrée, un niveau de précision de 0,25 est fréquemment utilisé. Dans notre étude, le nombre de pièges nécessaire pour atteindre un tel niveau de précision variait de 14 à 72.

Dans la majorité des relevés, le nombre de pièges était inférieur à 20. Les relevés qui nécessitaient plus de 20 pièges étaient caractérisés par de faibles proportions de pièges avec larves et/ou de faibles densités de population (proche de 1 larve/piège). Dans le cas particulier du site 105, la faible densité de population, en plus d'une faible proportion de pièges avec présence de larves, faisait en sorte qu'un nombre beaucoup plus élevé de pièges aurait été nécessaire (72). Si la précision est augmentée à 0,10 pour chacun des champs, les conclusions étaient les mêmes et le nombre de pièges était d'autant plus important, variant de 89 à 448 pièges.

Comme la moyenne et l'écart-type ne peuvent être connus à l'avance, il n'est pas possible de définir le nombre de pièges optimal requis pour estimer la densité de population d'un site. Cependant, la LPT a permis d'établir une relation entre la variance et la densité moyenne de population de *HyAb* (volet 1), ce qui a permis d'estimer une taille d'échantillon optimal pour différentes densités de population avec des niveaux de précision désirés (0,10 et 0,25). Le nombre de pièges était plus élevé à des densités faibles et diminuait avec l'augmentation de la densité (**Figure 4**). Par exemple, pour estimer une densité de 1 larve/piège ou plus avec une précision de 0,25, 20 pièges seraient nécessaires. Par contre, le nombre de pièges requis diminue à 11 si la densité de population à estimer est augmentée à 3 larves/piège ou plus. Il est important de noter que si on utilise le nombre de piège pour estimer une certaine densité et que la densité trouvée est en deçà de celle choisie, alors l'estimation de la densité n'est pas forcément précise puisqu'un nombre de piège plus important aurait été nécessaire pour déterminer cette densité. Ce modèle permet de déterminer si le seuil choisi est dépassé ou non.

Les nombres de pièges suggérés par le modèle sont relativement proches des nombres optimaux de pièges calculés *a posteriori* pour chacun des champs à l'étude. Cependant, le nombre de pièges estimé par le modèle basé sur la LPT était légèrement inférieur à celui nécessaire calculé *a posteriori* à partir des moyennes et des écart-types réels des champs à l'étude (**Tableau 2**). Comme vu précédemment, le nombre de pièges diminue rapidement pour des densités allant jusqu'à 1,5 larves/piège (précision de 0,25) et 2 larves/piège (précision de 0,10).

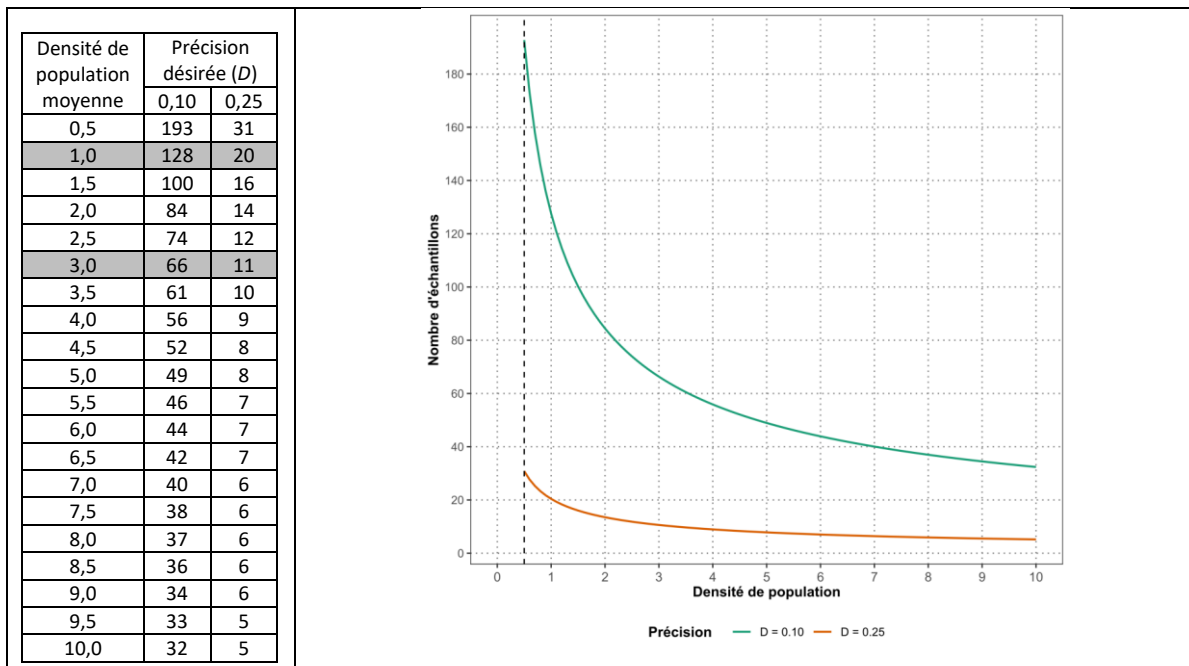


Figure 4 : Taille minimale d'échantillon nécessaire pour estimer des densités de population allant de 0,5 à 10 larves/piège avec un niveau de précision (D) de 0,10 et 0,25.

Volet 3. Étude de l'impact de l'humidité du sol, de la température et du type de sol, sur la migration des larves de *HyAb*.

Différentes combinaisons de types de sol (loam sableux et sol organique), de températures (10°C, 15°C et 20°C) et de taux d'humidités (25%, 50% et 75%) ont été évaluées. L'interaction triple entre le Type de sol, la Température et l'Humidité n'a montré aucune différence sur la migration des larves de *HyAb* (LRT; $X_{(4)} = 1,60$; $p = 0,809$). Cependant, des interactions doubles significatives ont été observées entre le Type de sol et la Température (LRT; $X_{(2)} = 9,65$; $p = 0,008$), le Type de sol et l'Humidité (LRT; $X_{(2)} = 7,02$; $p = 0,030$) et la Température et l'Humidité (LRT; $X_{(4)} = 19,06$; $p < 0,001$).

Dans le loam sableux, la température n'avait aucun effet sur la proportion de larves retrouvées dans l'appât (**Figure 5**). Par contre, dans le sol organique, la proportion de larves retrouvées dans l'appât était plus importante à 20°C qu'à 10°C. Aucune larve n'a été retrouvée dans l'appât à 15°C.

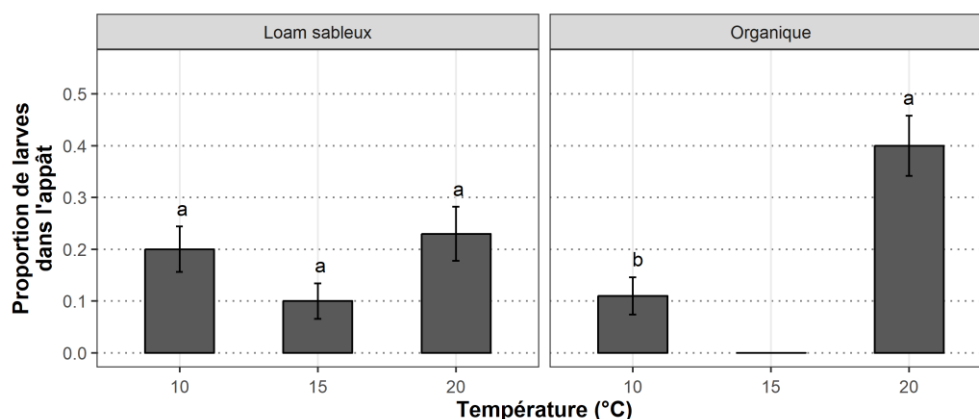


Figure 5. Proportions de larves présentes dans l'appât pour différentes températures dans chacun des deux types de sols.

Bien que non significative, la proportion de larves retrouvées dans l'appât augmentait avec l'humidité dans le loam sableux, alors qu'aucune différence significative n'a été observée dans le sol organique (**Figure 6**).

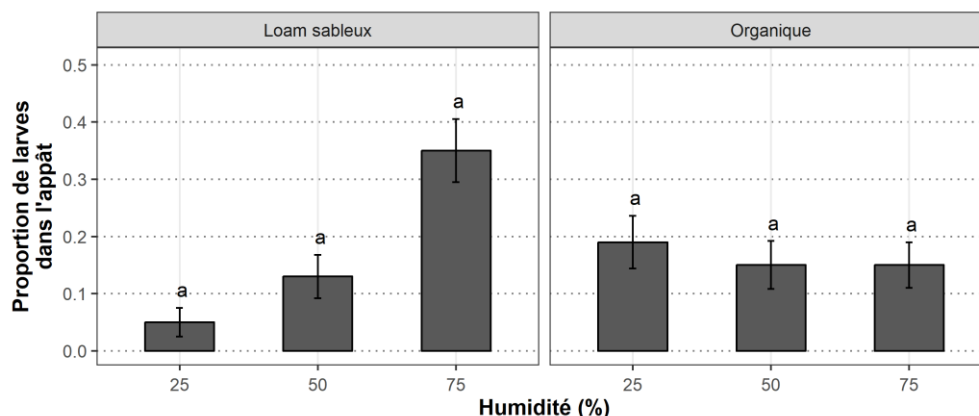


Figure 6. Proportions de larves présentes dans l'appât pour différentes humidités dans chacun des deux types de sols.

Quel que soit le type de sol, la proportion de larves retrouvées dans l'appât augmentait avec le taux d'humidité lorsqu'elles étaient placées à 10°C. La proportion était significativement plus élevée à 75% qu'à 25% d'humidité (**Figure 7**). À une température de 15°C, des larves

ont été retrouvées dans l'appât seulement à 75% d'humidité et aucune différence significative n'a été observée entre les différents taux d'humidités à une température de 20°C.

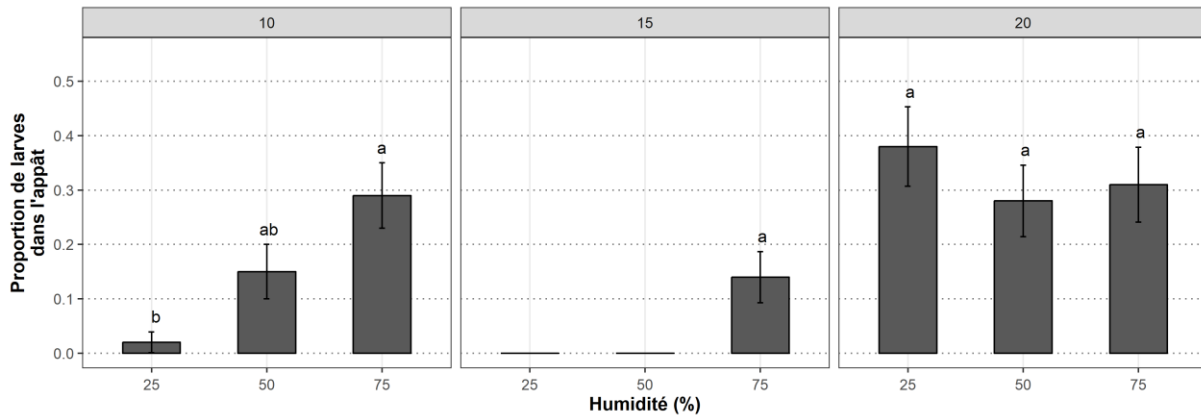


Figure 7. Proportions de larves présentes dans l'appât pour différentes humidités et températures.

Les résultats suggèrent que l'humidité influence la migration verticale des larves de *HyAb* lorsque les températures sont plus faibles (10 et 15°C), et ce quel que soit le type de sol. Les résultats montrent également que le type de sol influencerait la migration des larves. En effet, dans le cas d'un sol sableux, l'humidité jouerait un rôle important dans le mouvement des larves de *HyAb*, alors que dans un sol organique, ce serait plutôt la température. Cette différence observée entre les deux types de sol serait probablement liée à la capacité de rétention en eau. Dans un sol sableux, la capacité de rétention en eau est faible et le sol se draine plus rapidement. Ainsi, les larves de *HyAb* présenteraient dans ce type de sol accorderaient une importance plus grande à l'humidité qu'à la température. Dans un sol organique, la capacité de rétention en eau est plus importante, ce qui lui permet de garder des taux d'humidité élevés plus longtemps qu'un sol sableux. Ainsi, les larves de *HyAb* accorderaient une importance plus grande à la température et leurs mouvements seraient dictés par ce facteur.

Des dépistages réalisés dans des sols sableux devraient donc tenir compte de la teneur en eau du sol, contrairement à des sols organiques où la température serait la variable à considérer quant à la période pour réaliser le dépistage. Néanmoins, les résultats de cette expérience et les suggestions de dépistages qui en découlent mériteraient d'être vérifiés au champ afin de valider l'importance de ces deux facteurs (humidité et température) dans chacun des deux types de sols.

DIFFUSION DES RÉSULTATS

1. Boquel S. (2018) Étude du patron de distribution des vers fil-de-fer dans les grandes cultures au Québec dans le but d'optimiser leur dépistage. Présentation orale pour les étudiants du groupe SÈVE et pour les étudiants de l'Université McGill. 14 juin et 27 juillet 2018. 30 personnes.
2. Boquel S, Latraverse A, Hamelin P, De Almeida J, Saguez J. (2018). Distribution Pattern and Movements of Wireworms in Quebec Corn Fields. Présentation orale à la réunion conjointe annuelle de l'Entomological Society of America, de la Société Entomologique du Canada et de la Société Entomologique de Colombie Britannique. 11-14 Novembre 2018. Vancouver BC. 40 personnes.
3. Boquel S, Latraverse A, Hamelin P, De Almeida J, Saguez J. (2018). Patron de distribution et déplacement des vers fil-de-fer dans les champs de maïs au Québec. Affiche présentée à la réunion annuelle de la Société d'entomologie du Québec. 29-30 novembre, Québec QC. 140 personnes.
4. Boquel S (2019) Résultats du projet sur l'étude du patron de distribution des vers fil-de-fer dans les grandes cultures au Québec dans le but d'optimiser leur dépistage. Présentation orale à la réunion annuelle groupe de travail du RAP Grandes cultures sur les ravageurs des semis. 5 Février 2019. Drummondville QC. 10 personnes.
5. Un article scientifique est envisagé.

APPLICATIONS POSSIBLES POUR L'INDUSTRIE

Les résultats ont montré que les larves de *HyAb* présentent une distribution spatiale agrégée lorsque les densités de populations sont élevées (supérieures à $\approx 0,35-0,40$ larve/piège), mais qu'elle devient aléatoire pour des densités plus faibles. Les résultats ont également montré que la précision de l'estimation de la densité moyenne d'une population augmentait avec le nombre de pièges, la densité de population et la proportion de pièges avec présence de larves.

La présence d'un gradient de population a été détectée dans près de la moitié des relevés, ce qui peut être problématique lors des dépistages. En effet, la présence d'un fort gradient dans un champ pourrait entraîner des estimations de population très différentes dépendamment de la position des pièges dans le champ (haut vs bas du gradient). Bien que la présence d'un gradient ne soit pas toujours connue à l'avance, il est possible de la vérifier *a posteriori* afin de déterminer le degré de confiance que le dépisteur peut avoir dans le dépistage et, éventuellement, recommander un second dépistage en un autre endroit du champ pour valider l'estimation de la population. Une autre alternative serait de réaliser le dépistage en utilisant deux grilles de 5 ou 6 pièges en des endroits différents du champ. La corrélation spatiale ne dépassait pas 25 m dans les 9 champs dépistés en 2017 et 2018. Cet espacement, actuellement utilisé pour les dépistages réalisés dans le cadre du RAP Grandes cultures, serait donc optimal pour dépister *HyAb*.

Les coefficients de la puissance de Taylor ont servi de base à l'élaboration d'un modèle permettant de déterminer le nombre de pièges nécessaire pour estimer une densité de population avec un niveau de précision donné. À titre d'exemple, selon ce modèle, 11 pièges sont nécessaires pour estimer une densité de population de 3 larves/piège (seuil d'intervention pour *HyAb*) avec une précision de 0,25. Par contre, pour les champs dépistés au cours de ce projet qui présentaient des populations proches de 3 larves/piège, le nombre optimal de pièges calculé *a posteriori* à partir des moyennes et des écarts-types était d'environ 15.

En conclusion, il semblerait que le nombre de pièges utilisé par le RAP Grandes cultures dans le cadre du dépistage des vers fil-de-fer (*i.e.* grille de 10 pièges espacés de 25 m) soit légèrement en-dessous de ce que le modèle recommande pour estimer une densité de population de *HyAb* de 3 larves/piège avec une précision suffisante. Ainsi, il serait souhaitable d'augmenter légèrement le nombre de pièges par site afin d'obtenir une estimation plus précise. Par exemple, une grille de 12 pièges disposés en rectangle avec des espacements de 25 m permettrait d'estimer avec une meilleure précision le seuil d'intervention de *HyAb* de 3 larves/piège. Une autre alternative serait de réaliser le dépistage en utilisant deux grilles de 6 pièges en des endroits différents du champ, afin d'éviter un biais éventuel lié à la présence d'un gradient. Cependant, si des dépistages sont réalisés dans le but de déterminer de plus faibles densités de population ou avec de meilleures précisions, alors le nombre de pièges devrait être augmenté en conséquence. De plus, les champs où aucun historique de dépistage n'est disponible, il serait préférable d'effectuer le premier dépistage avec 20 pièges afin de pouvoir déterminer des niveaux de population relativement bas.

POINT DE CONTACT POUR INFORMATION

Sébastien Boquel, PhD., Centre de recherche sur les grains inc. (CÉROM), +1 (450) 464 - 2715 poste 249, Sebastien.Boquel@cerom.qc.ca

REMERCIEMENTS AUX PARTENAIRES FINANCIERS

Ce projet a été réalisé en vertu du volet 4 du programme Prime-Vert 2013-2018 et il a bénéficié d'une aide financière du Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation (MAPAQ) par l'entremise de la Stratégie phytosanitaire québécoise en agriculture 2011-2021.

Les auteurs remercient les producteurs (Ferme Candrine, Ferme des Étangs inc., Ferme Chatrac S.E.N.C., Ferme Bévin, Ferme Bruneau et fils, Ferme J.A. Gagnon, Ferme Godale, Ferme Chatrac S.E.N.C.) pour nous avoir donné accès à leur champ afin d'effectuer les échantillonnages de VFF, aux clubs conseils (Groupe ProConseil, Michelle Breton; Club de fertilisation de la Beauce Inc., Simon Poteau; Plein Terre, Geneviève Roy; Groupe conseils agro Bois-Francs, Sabrina Gauthier, Coop. Fertilisation Organique Fertior, Jenny Lehoux) et aux agronomes du MAPAQ (Brigitte Duval et Stéphanie Mathieu) pour leur aide dans la recherche de sites répondants aux critères du projet.

Nos remerciements vont aussi auprès de Véronique Leclerc et Pascal Leduc (Agri-Conseil Maska) pour avoir trouvé les champs pour le prélèvement de terre pour les expériences en tubes et finalement auprès des personnes qui ont participé au développement des protocoles, à la collecte et l'analyse des échantillons; Geneviève Labrie, Julien Saguez Patrice Hamelin, Jennifer De Almeida, ainsi que les étudiants d'été impliqués dans le projet.

ANNEXE(S)

ANNEXE A – MÉTHODOLOGIE VOLET 1

Le **ratio variance/moyenne**, aussi appelé indice de dispersion (I), se calcul par :

$$I = s^2 / \hat{m} \quad (4)$$

Cet indice se base sur le principe que pour une répartition aléatoire (décrite par une loi de Poisson), la variance est égale à la moyenne, d'où un ratio s^2 / \hat{m} égal à 1. Le ratio peut être testé pour déterminer s'il est significativement différent de 1 à l'aide de la statistique suivante :

$$\chi^2 = I(N - 1) \quad (5)$$

qui suit approximativement une loi du χ^2 avec $N - 1$ degrés de liberté, où N est le nombre d'unités d'échantillonnage. Une valeur significativement inférieure à 1 ($p > 0,975$) indique une répartition uniforme, alors qu'une valeur significativement supérieure à 1 ($p < 0,025$) indique une répartition agrégée.

Le **paramètre k de la distribution binomiale négative (DBN)**, estimé par la méthode du maximum de vraisemblance, est calculé de manière itérative et représente la valeur qui égalise les deux membres de l'équation suivante :

$$N \ln \left(1 + \frac{\hat{m}}{k} \right) = \sum_{i=1}^{nc} \left[\frac{A(x_i)}{k + x_i} \right] \quad (6)$$

où $A(x_i)$ est la somme des fréquences des décomptes supérieures à x_i , N est le nombre d'unités d'échantillonnage, et nc est le nombre de classes dans la distribution de la fréquence. Une valeur de k faible (0 à 2) indique une distribution fortement agrégée, une valeur entre 2 et 8 indique une agrégation modérée, et une valeur supérieure à 8 indique une distribution aléatoire.

Des **tests d'ajustement du khi-deux** ont été effectués pour comparer les captures de larves de *HyAb* à chacune des unités d'échantillonnage avec des distributions théoriques de Poisson (aléatoire) et binomiale négative (agrégée). Le test mesure la proximité entre les valeurs observées et les fréquences attendues pour chacun des modèles de distribution.

La **loi de puissance de Taylor (LPT)** stipule qu'il existe une relation, constante et spécifique à chaque espèce, entre la variance (s^2) et la moyenne (\hat{m}) d'une population (Taylor, 1961) pouvant être décrite par la formule suivante :

$$s^2 = a\hat{m}^b \quad (7)$$

Les paramètres a et b de la LPT peuvent être estimés par régression linéaire après transformation logarithmique de la formule ci-dessus :

$$\log s^2 = a + b \log \hat{m} \quad (8)$$

où a est l'ordonnée à l'origine et b est la pente de la droite de régression. Le coefficient a de la régression est un facteur d'échantillonnage qui dépend de la taille d'échantillon, alors que la pente b peut être interprétée comme un indice de distribution spatiale caractéristique de l'espèce. Une valeur de $b < 1$ indique une distribution uniforme, $b = 1$ indique une distribution aléatoire (distribution de Poisson), et une valeur de $b > 1$ indique une distribution agrégée. Un test de t bilatéral avec $N - 2$ degrés de libertés et un seuil de significativité de 0,05 a été effectué pour déterminer si la pente de régression b était différente de 1 :

$$t = \frac{(b - 1)}{SE_b} \quad (9)$$

où SE_b est l'erreur-type de la pente. La qualité de l'ajustement a été estimée à l'aide du coefficient de détermination (R^2). Une analyse de covariance (ANCOVA) a été préalablement effectuée pour comparer les pentes de régression entre les patrons d'échantillonnage (10, 18 ou 100 pièges par champ). Comme les pentes ne variaient pas entre les patrons d'échantillonnage (ANCOVA; $F_{(2, 292)} = 0,591$; $p = 0,443$), l'analyse a été effectuée sur les données groupées.

ANNEXE B – MÉTHODOLOGIE VOLET 2

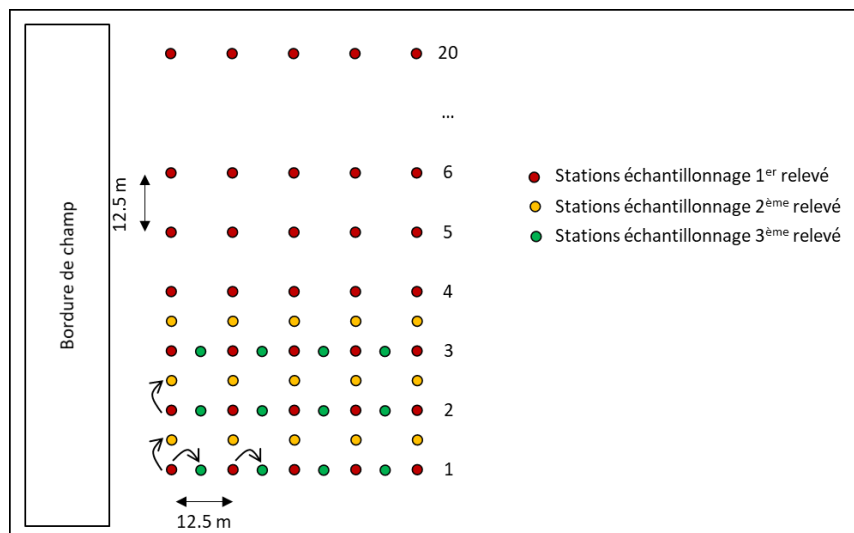


Figure 8. Dispositif expérimental utilisé pour déterminer le patron de distribution spatiale des larves de *H. abbreviatus* en champ. La grille comptait 100 stations d'échantillonnage lors des deux premiers relevés (5 transects de 20 stations; points rouges et jaunes, respectivement) et 80 stations au 3^{ème} relevé (4 transects de 20 stations; points verts).

ANNEXE C – MÉTHODOLOGIE VOLET 3

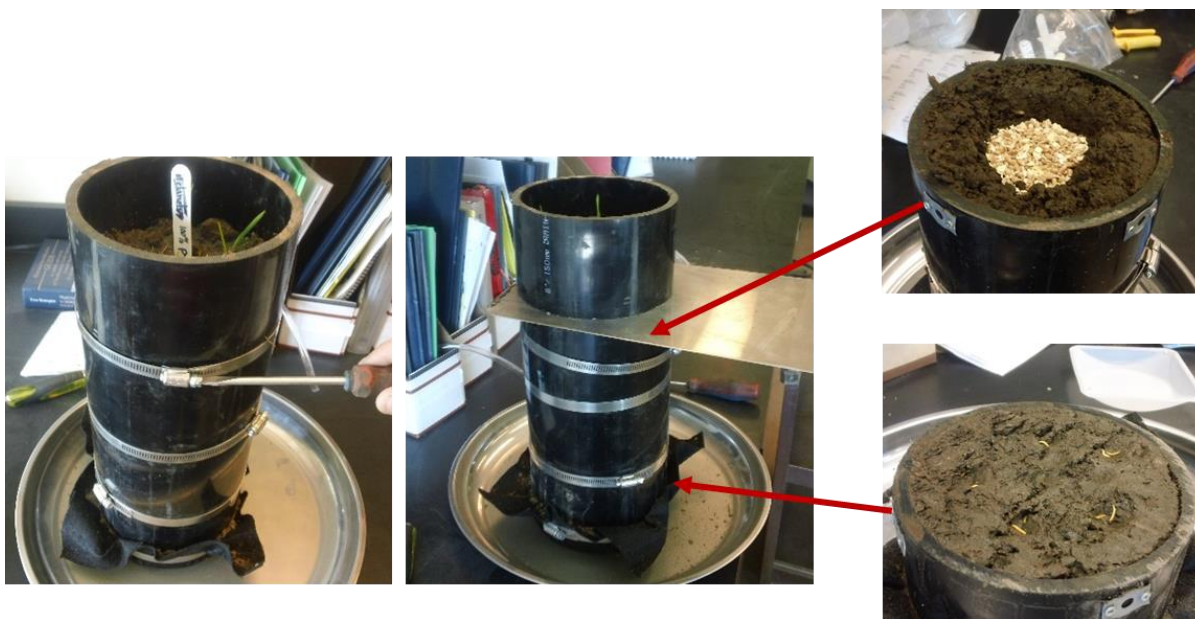


Figure 9. Dispositif expérimental pour l'expérience en tubes. Des tubes de PVC composés de quatre sections ont été remplis de terre (loam sableux ou sol organique). Un appât (blé et gruau) a été placé entre les deux sections du haut (en haut à droite) et 10 larves de *H. abbreviatus* ont été placées entre les deux sections du bas (en bas à droite).

ANNEXE D – RÉSULTATS VOILE 2.

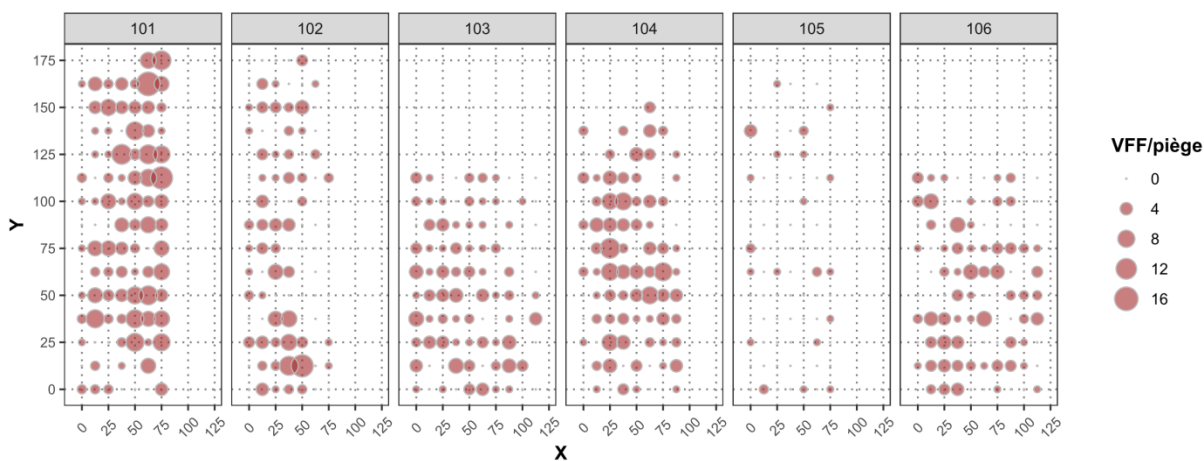


Figure 10. Taux de capture des pièges-appâts (larves/piège) pour les sites de l'étude en 2017. X et Y sont les distances en mètre.

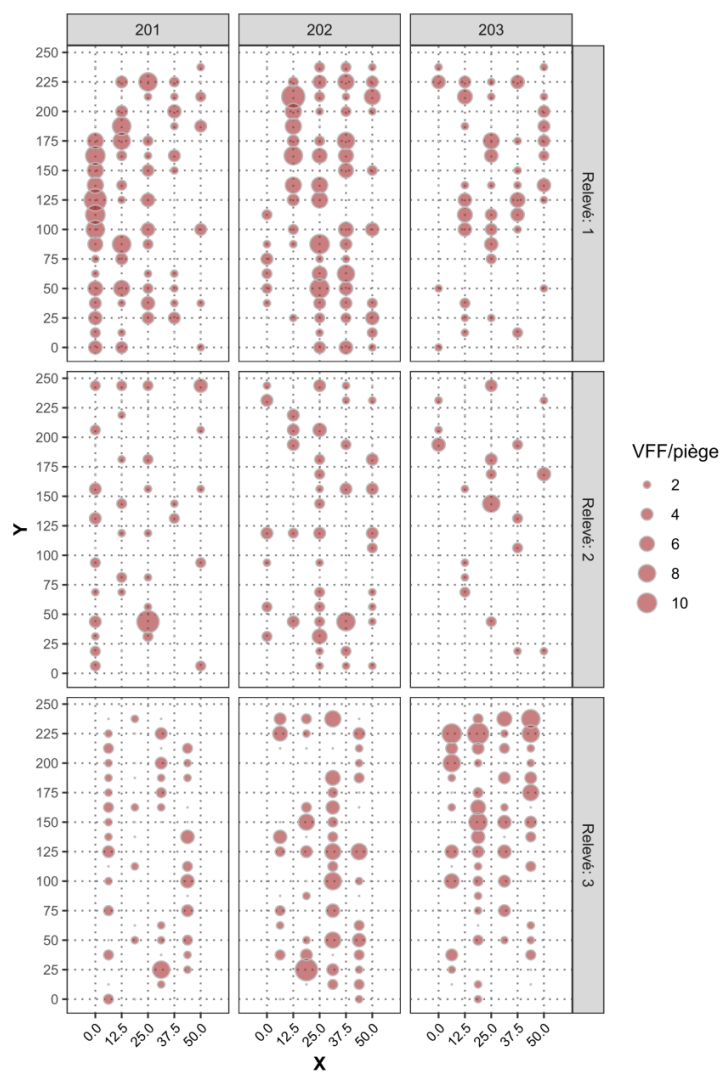


Figure 11. Taux de capture des pièges-appâts (larves/piège) à chacun des relevés pour les sites de l'étude en 2018. X et Y sont les distances en mètre.