



La Lettre de l'OCIM

Musées, Patrimoine et Culture scientifiques et techniques

174 | 2017
novembre-décembre 2017

Une base de données dédiée aux insectes nuisibles rencontrés dans les collections patrimoniales

Fabien Fohrer, Michel Martinez et Isabelle Meusnier



Édition électronique

URL : <http://journals.openedition.org/ocim/1871>

DOI : 10.4000/ocim.1871

ISSN : 2108-646X

Éditeur

OCIM

Édition imprimée

Date de publication : 1 novembre 2017

Pagination : 18-24

ISSN : 0994-1908

Référence électronique

Fabien Fohrer, Michel Martinez et Isabelle Meusnier, « Une base de données dédiée aux insectes nuisibles rencontrés dans les collections patrimoniales », *La Lettre de l'OCIM* [En ligne], 174 | 2017, mis en ligne le 01 novembre 2018, consulté le 14 novembre 2019. URL : <http://journals.openedition.org/ocim/1871> ; DOI : 10.4000/ocim.1871

Ce document a été généré automatiquement le 14 novembre 2019.

Tous droits réservés

Une base de données dédiée aux insectes nuisibles rencontrés dans les collections patrimoniales

Fabien Fohrer, Michel Martinez et Isabelle Meusnier

La page d'accueil de la base de données *Insectes du patrimoine culturel*

- 1 Les collections et structures patrimoniales ont de tout temps subi des déprédations par divers agents biologiques et les insectes prennent une place importante dans ce processus. L'homme a toujours essayé de faire face à ces nuisibles pour sauvegarder son

patrimoine afin de le transmettre aux générations futures. Mais, face à la multitude et à la diversité des espèces d'insectes, il est souvent bien difficile d'appréhender ce monde à part que représentent les hexapodes et d'en évaluer le potentiel de nuisance.

- 2 Toutefois, de très nombreuses espèces sont fortes utiles à l'homme et lui assurent divers bienfaits (pollinisation, biodégradation, prédation...) alors que celles qui causent d'importantes dégradations sont généralement peu représentées en nombre. Parmi les différents domaines que comprend l'entomologie (entomologie médicale, agronomique et forestière), l'entomologie urbaine est au croisement de ces différentes spécialités. En effet, tous les lieux habités par l'homme peuvent être un refuge ou un lieu de passage pour de nombreuses espèces qu'il est important de reconnaître afin d'évaluer leur nuisibilité.
- 3 Les insectes nuisibles aux structures et collections patrimoniales sont regroupés dans ce dernier domaine et ne représentent que quelques ordres d'insectes parmi les 29 qui constituent la classe des Hexapodes. Le tableau page suivante fait part de la grande variété et quantité d'espèces rencontrées sur notre territoire¹.

Liste des ordres d'insectes, suivie du nombre d'espèces en France et dans le monde, puis en jaune les ordres qui renferment des espèces nuisibles aux collections patrimoniales et en gris les ordres dont certaines espèces peuvent provoquer des nuisances secondaires.

CLASSE DES INSECTES	NOMBRE D'ESPÈCES EN FRANCE (ET DANS LE MONDE)
1- Archeognatha	50 (505)
2- Zygentoma	15 (534)
3- Ephemera	144 (3 100)
4- Odonata	92 (5 800)
5- Plecoptera	179 (3 510)
6- Zoraptera	0 (34)
7- Embioptera	3 (360)
8- Orthoptera	239 (25 200)
9- Phasmida	3 (2 960)
10- Notoptera	0 (43)
11- Dermaptera	21 (2 000)
12- Mantodea	9 (2 420)
13- Blattodea	23 (4 600)
14- Isoptera	6 (2 880)
15- Thysanoptera	260 (5 760)
16- Hemiptera	3 670 (10 500)
17- Psocoptera	116 (4 450)
18- Phthiraptera	180 (5 030)
19- Coleoptera	11 670 (360 000)
20- Neuroptera	162 (5 704)
21- Megaloptera	3 (340)
22- Raphidioptera	17 (225)
23- Strepsiptera	13 (610)
24- Diptera	8 800 (152 500)
25- Mecoptera	10 (681)
26- Siphonaptera	110 (2 250)
27- Lepidoptera	5 400 (168 000)
28- Trichoptera	382 (13 600)
29- Hymenoptera	8 600 (145 000)
TOTAL INSECTA	40 177 (1 018 596)

© F. Fohrer

- 4 Face à cette profusion d'espèces, il était important de créer des outils qui permettent aux acteurs de la conservation des biens culturels de pouvoir être plus à même de reconnaître ces nuisibles afin d'élaborer des stratégies de lutte et de prévention adaptées dans le but de conserver au mieux notre patrimoine. Pour ce faire, une base de données "Insectes du patrimoine culturel", issue de la collaboration entre le CICRP (Centre Interdisciplinaire de Conservation et Restauration du Patrimoine) et le

laboratoire du Centre de Biologie pour la Gestion des Populations et le laboratoire Biologie et Génétique des Interactions Plantes Parasites de l'Inra (Institut national de la Recherche agronomique) a été créée.

- 5 Cette base de données a pour vocation de recenser et de permettre la reconnaissance des différentes espèces nuisibles que l'on serait amené à rencontrer dans les diverses institutions patrimoniales (monuments historiques, musées, archives, bibliothèques...).

Les différents insectes nuisibles

- 6 La grande majorité des espèces nuisibles appartiennent à l'ordre des coléoptères. Seules, quelques familles de cet ordre sont préjudiciables aux œuvres patrimoniales, l'essentielle des autres familles ne se trouvent présentes que dans le milieu naturel. Elles sont principalement représentées par les familles des *Ptinidae* (anciennement les *Anobiidae* ou vrillettes), insectes xylophages et les *Dermestidae*, insectes nécrophages. D'autres familles telles que les *Lyctidae* (*Lyctus*), *Curculionidae* (charançon), *Cerambycidae* (capricorne) et *Bostrichidae*, représentées par quelques espèces nocives uniquement xylophages, sont également mentionnées dans la base de données. Des espèces dangereuses se rencontrent également dans d'autres ordres d'insectes, mais leur nombre reste très limité (voir tableau ci-dessous).

Liste des ordres d'insectes et nombre d'espèces nuisibles aux collections patrimoniales

Ordre	Nombre d'espèce en France	Nombre d'espèces nuisibles
Coleoptera	11 670	env. 100
Zygentoma ou lépisme	15	7
Blattodea ou blatte	23	5
Psocoptera ou psoque	116	9
Isoptera ou termites	6	4
Lepidoptera ou mites	5 400	15

© F. Fohrer

- 7 Dans quelques cas bien particulier, il peut y avoir une certaine nuisibilité d'espèces appartenant à d'autres ordres, tels que les Hyménoptères. En effet, plusieurs espèces de fourmis et l'abeille charpentière *Xylocopa violacea* (Linnaeus, 1758), recherchent dans les locaux un lieu pour nidifier et notamment dans les structures des bâtiments (charpentes et plinthes).
- 8 Enfin, il est à noter que d'autres espèces appelées "touristes" peuvent être présentes dans les lieux et ne présentent pas de nuisibilité pour les collections, mise à part lorsqu'ils meurent dans les espaces, d'être le support d'infestation pour les insectes nécrophages². Tel est le cas des mouches, des forficules ou "perce oreille", des papillons et des carabes qui rentrent aisément dans les lieux à la recherche de fraîcheur.
- 9 La plupart de ces insectes néfastes, très discrets et de petite taille (souvent inférieure à 5 mm), passe souvent inaperçu à notre regard et notre vigilance. Sur les œuvres, ce

sont les larves qui commettent les dégradations, dont le développement varie suivant les espèces de 2 mois à 3 ans, les adultes ne s'alimentent pas ou alors se nourrissent de pollen (cas de plusieurs espèces de la famille des *Dermestidae*). Ces insectes sont, en général, de bons voiliers et peuvent rentrer aisément dans les salles d'exposition et les réserves, si une mauvaise étanchéité ou des ouvertures sont présentes. L'ensemble des insectes cités ci-dessus, nuisibles ou non, ainsi que les caractéristiques biologiques de chaque espèce seront développés dans la base de données.

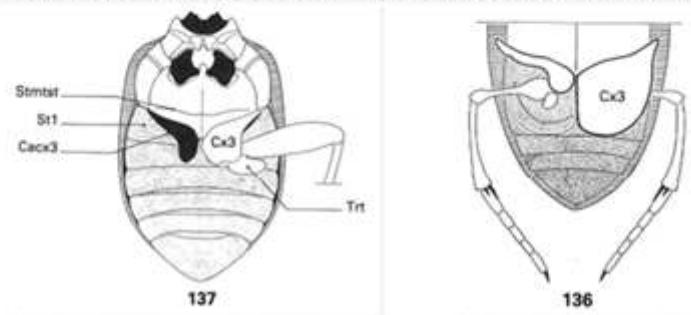
Les outils actuels pour réaliser l'identification des insectes

Les clés d'identification

- 10 Depuis tout temps, la reconnaissance et l'identification des insectes ont été et sont encore largement aujourd'hui, réalisées à l'aide de leurs caractères anatomiques externes et internes à divers stades de développement (adulte, larve, et nymphe). Cette reconnaissance s'effectue à l'aide de clés d'identification³ (clé systématique ou clé dichotomique) plus ou moins complexes et différentes pour tous les groupes taxonomiques (coléoptères, diptères, lépidoptères...). Pour se faire, on observe leurs particularités (forme, couleur, aspect, taille...) qui permettent de les distinguer les uns des autres et qui sont appelés caractères ou attributs.
- 11 Lorsque l'on observe ces caractères, il faut procéder par élimination et choisir une, deux ou plusieurs possibilités à chaque "bifurcation" en répondant par "oui" ou par "non" ou bien "possède" et "ne possède pas" ou "présence de" et "absence de". À l'issue de la dernière étape, l'insecte est identifié.
- 12 Cette identification demande bien souvent l'intervention de spécialistes ou d'amateurs éclairés et cette base de données permet un peu de s'affranchir des difficultés que représente le langage entomologique en simplifiant au maximum (tout en restant juste) l'ensemble des termes qui décrivent ces insectes. En effet, ces clés illustrées permettent d'identifier de façon simple et visuelle, les ordres, les familles (parfois les sous-familles), les genres et les espèces d'insectes rencontrés dans les lieux patrimoniaux.

Début de la clé d'identification de l'ordre des coléoptères dont on remarque la complexité du vocabulaire entomologique ; les descriptions sont accompagnées de schémas pour une meilleure compréhension.

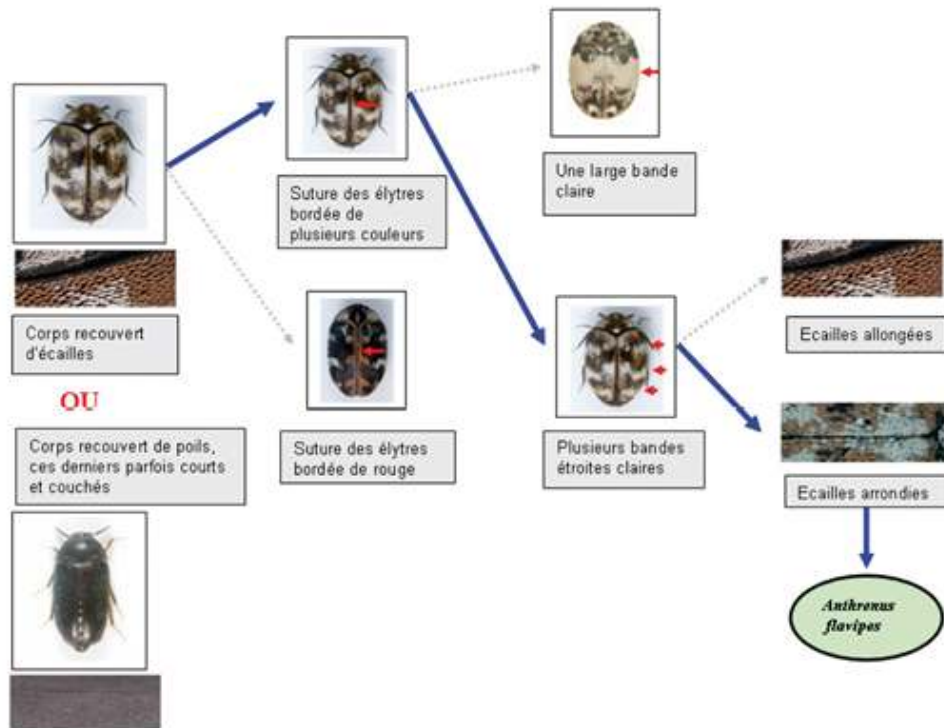
- 1 Hanche postérieure en lame foliacée masquant la majeure partie de l'abdomen (fig. 136) ; insectes aquatiques **Halipidae**
- 1' Hanche postérieure différemment conformée ; si elle est dilatée, elle recouvre tout au plus une partie du premier sternite abdominal 2
- 2(1') Hanche postérieure divisant le premier sternite abdominal, la marge postérieure de celui-ci interrompue au milieu (fig. 137) ; trochanter postérieur large et peu éloigné de la ligne médiane ; suture notopleurale normalement distincte sur le prothorax (fig. 139) ; tarses pentamères ; antenne le plus souvent filiforme **ADEPHAGA 3**
- 2' Premier sternite abdominal non divisé par les hanches postérieures, sa marge postérieure non interrompue au milieu (fig. 138) ; trochanter postérieur bien moins développé et plus éloigné de la ligne médiane ; suture notopleurale absente (invisible) au prothorax ; tarses et antenne variables **POLYPHAGA 8**



- 13 Cette démarche d'identification sera largement simplifiée si l'on a en notre possession une boîte de collection d'insectes de référence. En effet, le fait de "posséder physiquement et visuellement" la plupart des espèces dangereuses (20 espèces les plus courantes), permettra de gagner un temps précieux lors de l'identification en comparant directement l'insecte que l'on a prélevé à celui de référence. Ce travail de comparaison (ressemblance-différence) est appuyé avec les clés d'identification présentes dans la base de données. Ce travail n'est réellement possible que si l'on dispose d'un équipement optique suffisamment puissant pour visualiser les caractères anatomiques demandés. Une loupe binoculaire (grossissement minimum de 35 fois) ou une mini-caméra port USB permettrait de pouvoir identifier la plupart des espèces qui auraient une taille minimale de 2-3 mm.
- 14 Suite à l'identification de l'espèce observée, de nombreuses informations sont alors accessibles sur la base de données et notamment à partir d'un document récapitulatif : la fiche insectes.
- 15 Après la détermination de l'insecte, il est important de collecter le maximum d'informations sur celui-ci. En effet, la connaissance de l'espèce incriminée dans les dégradations permettra, de par son régime alimentaire (xylophage, nécrophage...), de remonter jusqu'au type de matériau qu'il infeste (bois, papier, cuir, plume...) et ainsi d'effectuer une recherche plus active sur le type d'œuvre pouvant être infesté, pour permettre de remonter jusqu'à la ou les sources d'infestations.
- 16 Pour chaque espèce, une fiche descriptive comporte des éléments d'informations sur la reconnaissance, la biologie, la fréquence et la répartition de chacune des espèces mentionnées.
- 17 Ces fiches sont largement documentées par de nombreuses photographies et vidéos qui permettent à l'internaute d'avoir une idée très concrète de l'insecte qu'il pourrait avoir

à reconnaître. La recherche d'une espèce peut également se réaliser à partir des dégâts observés sur les matériaux des œuvres. En effet, il est possible de ne sélectionner que les espèces ayant un régime alimentaire spécifique. Par exemple, pour une œuvre en papier, on ne sélectionne que les espèces qui détériorent ce matériau, ce qui permet de faire une recherche et d'obtenir un résultat sur un nombre bien plus limité d'espèces. Afin de permettre une meilleure compréhension des textes et descriptions, la base de données est dotée d'un glossaire qui recense le vocabulaire entomologique.

Exemple d'organisation d'une partie de la clé des *Dermestidae* qui permet, par l'intermédiaire des flèches bleues, d'accéder à l'espèce *Anthrenus flavipes* (LeConte, 1854).



Organisation de l'information d'une "fiche insecte", ici *Anthrenus verbasci* (Linnaeus, 1767)

GÉNÉRALITÉS

En été l'adulte de l'Anthrene bigarré bubne les fleurs, en particulier celles d'ombellifères et du Bouillon blanc, pour se nourrir du nectar. Dès les premiers froids il recherche un abri, préférant parfois la nature, pour préférer des endroits plus chauds et c'est pour cela qu'il trouve fréquemment refuge dans les maisons.

Il a aussi une prédilection pour les moines (ou locaux assimilés) où ses larves pourront continuer à se nourrir en encombrant gravement les collections ornithologiques et les animaux naturalisés (spécimens mammifères et plumes d'oiseaux).

L'Anthrenus verbasci est parfois utile car c'est un auxiliaire (ovicide) de larves de chenilles comme celles du Bombyx disparata.

L'éclosion des œufs a lieu principalement en automne et le cycle complet de développement peut demander une année.

Les adultes de cette espèce ne sont quasiment pas nuisibles : seules les larves, qui passent tout le temps de leur développement dans les vêtements, fouritures, tapis, garnitures de meubles et surtout dans les collections d'insectes, y font d'énormes dégâts.

C'est durant les mois les plus chauds (de juin à début octobre) que cet insecte est le plus nuisible. Quand cela est possible on peut partiellement limiter les populations en passant un aspirateur adapté sur les matériaux infestés par les larves (tapis, vêtements, literie, ...).

Une inspection régulière des collections peut limiter une infestation de grande ampleur. On connaît peu d'ennemis naturels des Anthrenes à part des Hyménoptères Bethyloïdes qui parasitent leurs larves ou encore l'arachnide Pseudoscorpion Chieridium muscorum (leac) qui est prédateur des larves.

L'adulte de l'Anthrenus verbasci ressemble beaucoup à celui de l'Anthrenus muscorum ou de l'Anthrenus flavipes. Les critères de reconnaissance donnés pour chacune de ces espèces présentes dans les fiches permettront toutefois de les différencier. L'Anthrene bigarrée des tapis est fortement attirée par la lumière et peut aisément être piégée aux ultraviolets.

- 18 Remarque : "Il n'est pas toujours nécessaire de descendre au plus bas niveau de la classification, c'est-à-dire à l'espèce, et bien souvent les niveaux intermédiaires de détermination (par exemple la famille ou le genre d'insectes nuisibles) peuvent être suffisants. En effet plusieurs espèces d'une même famille peuvent présenter une biologie identique pour permettre de prendre rapidement des décisions en termes de conservation et de traitement sans que soit besoin d'obtenir une identification très précise de l'espèce nuisible. Toutefois, il est toujours préférable d'obtenir le nom exact d'une espèce tant à des fins de recherche (tout le monde parle alors des mêmes espèces) qu'à des fins de prévention (parfois spécifique à une espèce donnée comme dans le cas d'utilisation des phéromones) ou de suivi d'une population d'insectes en particulier"⁴.

Une assistance pour l'identification des insectes : une formation sur mesure

- 19 À la demande des institutions patrimoniales, le CICRP propose une formation pratique à la reconnaissance des insectes dangereux pour le patrimoine afin de rendre plus autonomes et plus réactives, vis-à-vis des infestations, les équipes en charge de la conservation des collections.
- 20 Préalablement à celle-ci, des conseils en matière d'achat de matériel d'observation adapté (loupe munie d'une caméra numérique à environ 1 000 euros) et de matériel de préparation des insectes (environ 50 euros) seront proposés.
- 21 Durant cette formation, la création d'une boîte d'insectes de références est également élaborée avec l'apport par le CICRP d'environ 10 espèces d'insectes de référence parmi les plus communément rencontrées.

- 22 Les équipes de la conservation des musées de Rodez, du grand commun de Versailles et du musée-muséum départemental de Gap ont pu bénéficier de cette formation étalée sur deux jours.

Le futur de l'identification : les outils moléculaires et le principe du barcoding

Qu'apporte la biologie moléculaire pour l'identification des insectes ?

- 23 Actuellement, la reconnaissance des insectes se réalise par une identification morphologique.
- 24 Le problème est que cette identification requiert des clés complexes qui sont différentes pour tous les groupes taxonomiques et devient encore plus complexe lorsque l'on travaille sur des stades précoces du développement tels que : œuf, larve et nymphe. Elle nécessite donc, le plus souvent, les compétences spécifiques des entomologistes et a longtemps été basée uniquement sur ces critères anatomomorphologiques. Mais depuis plusieurs années, un nouvel outil, le barcoding moléculaire, a été mis au point suite au progrès en biologie moléculaire. La découverte de la structure en double hélice de l'acide désoxyribonucléique (ADN), par le Britannique Francis Crick et l'Américain James Watson⁵ en 1953 a permis à cette discipline d'évoluer et de développer un grand nombre de techniques moléculaires qui ne cessent de se perfectionner.

Qu'est-ce que L'ADN ?

- 25 L'ADN a été une découverte majeure pour la biologie moléculaire qui connaît depuis d'importants développements pour devenir un outil incontournable de la biologie moderne. L'ADN est une molécule très longue, composée d'une succession de nucléotides accrochés les uns aux autres par des liaisons phosphodiester. Il existe quatre nucléotides différents : l'adénosine (A), la cytidine (C) cytosine, la guanosine (G) et la thymidine (T). L'ordre dans lequel se succèdent les nucléotides le long d'un brin d'ADN est très précis et constitue la séquence de ce brin et est spécifique à chaque être vivant, c'est ce qui forme l'information génétique d'un individu. L'ensemble du matériel génétique d'un individu est appelé le génome, c'est ce génome qui permet le développement, le fonctionnement et la reproduction des êtres vivants. L'ADN est apparu comme un nouvel outil pour l'identification des espèces : chaque nucléotide est considéré comme un caractère, les séquences de plusieurs individus sont comparées et leur ressemblance est quantifiée. Cette comparaison de séquences permet de calculer la distance génétique entre les individus et l'étude de ces relations de parenté entre êtres vivants s'appelle la phylogénie.

Formation réalisée pour le personnel de la conservation des musées de Rodez.



© F. Fohrer

L'ADN et le barcoding

- 26 En 2003, Paul Hebert, de l'université de Guelph (Ontario, Canada), propose sous le nom de barcoding moléculaire une méthode d'identification des espèces à l'instar des codes-barres (Code universel des produits, UPC) des supermarchés qui distinguent les produits. Le barcode moléculaire est basé sur l'utilisation d'une courte séquence d'ADN identique, quasiment, chez des individus appartenant à la même espèce et différente entre espèce. Il permet donc d'assigner un individu à une espèce ne connaissant que la séquence de ce fragment d'ADN. Le barcoding a deux objectifs principaux : premièrement l'amélioration des connaissances taxonomiques sur le vivant (découverte rapide de nouvelles espèces et inventaire de toute espèce avant sa disparition) et deuxièmement l'assignation la plus fiable possible de tout individu à une espèce (quels que soient son sexe et son stade de développement).

Le marqueur de l'espèce : un fragment d'ADN

- 27 Afin de réaliser ces objectifs, le barcoding doit construire une base de données regroupant tous les barcodes d'ADN de toutes les espèces existantes. C'est un projet immense, la biodiversité connue est d'environ 1,7 millions d'espèces de plantes et d'animaux alors que son estimation est de 10 millions à 100 millions d'espèces.
- 28 La première étape de ce projet était de trouver un marqueur moléculaire adapté à l'assignation taxonomique des espèces. En effet, il fallait trouver un marqueur avec un pouvoir discriminant au niveau des espèces c'est-à-dire ayant une variabilité faible entre individu d'une même espèce (intraspécifique) pour les regrouper et, à l'opposé,

une variabilité élevée entre espèce (interspécifique) pour séparer les individus d'espèces différentes. La facilité d'acquisition des données était aussi un élément essentiel par rapport à l'ampleur du projet et donc la production des séquences devait être automatisable. Pour cela, le marqueur devait s'amplifier de façon universelle sur une large gamme de taxons, avoir une taille optimum (comprise entre 600-800 paires de base pour s'amplifier et se séquencer facilement), la correction des séquences devait être simple, rapide et robuste et l'analyse phylogénétique devait être aisée.

- 29 Le fragment ayant réuni l'essentiel de ces critères est un gène du génome mitochondrial codant pour la première sous-unité du cytochrome oxydase (COI), une protéine qui intervient dans la chaîne respiratoire de la mitochondrie. Les mitochondries sont des organites ayant leur propre génome et sont présentes dans la plupart des cellules d'eucaryotes, elles sont les centrales énergétiques de ces cellules.
- 30 Le fait d'avoir choisi un gène mitochondrial induit deux avantages. D'une part, il y a plusieurs copies du gène par cellule (une cellule renferme plusieurs mitochondries) ce qui n'est pas le cas des gènes nucléaires (un seul noyau par cellule). Et d'autre part, le génome mitochondrial est moins dégradé que le génome nucléaire car il est intégré dans un organite qui le protège. En contrepartie, ce génome a une transmission généralement maternelle c'est-à-dire que les mitochondries sont transmises par la femelle à sa descendance sans apport du mâle. Malgré cela, le fragment COI retenu comme barcode d'ADN a prouvé son fort pouvoir de discrimination des espèces. Il a été testé chez de nombreuses familles d'insectes⁶ mais aussi chez d'autres organismes vivants appartenant à d'autres phylums et son succès d'identification est de l'ordre de 97 %⁷.

Les domaines d'utilisation du barcoding

- 31 Les utilisations du barcoding sont nombreuses et diversifiées, elles peuvent être scientifiques, commerciales, douanières, policières... Dans notre cas, relier les divers stades de développement (œuf, larve, adulte...) peut être un challenge quasi impossible morphologiquement chez certaines espèces alors que le barcoding le rend très aisé ; il en est de même pour les dimorphismes sexuels et les divers morphes au sein d'une espèce.
- 32 Il permet de découvrir de nouvelles espèces et pas uniquement pour des groupes taxonomiques peu étudiés (ex : oiseaux⁸), d'être utile dans d'autres disciplines telles qu'en écologie (plantes-hôtes, identification des proies ou des hôtes pour les parasitoïdes, contenu stomatique...), médecine (ex : sangsues médicinales⁹).
- 33 Les applications non scientifiques sont aussi très importantes : identification d'espèces vendues sur les marchés, contenus de produits alimentaires, provenance de matériau animal... Dans le but de répondre à toutes ces utilisations, des bases de données d'identification d'espèces, associant données moléculaires et critères anatomomorphologiques, se sont développées et sont continuellement enrichies de nouvelles espèces.

Une base de données dédiée au barcoding

- 34 BOLD Systems (Barcode of Life Database Systems¹⁰, <http://www.boldsystems.org/>), créée en 2007, est la base générale et internationale du barcoding. Cette plateforme Internet fournit un environnement intégré pour gérer et utiliser les données de barcoding : de la

collection, au management des spécimens, à la distribution des données moléculaires jusqu'à des outils d'analyse et la publication des données de barcoding. Il a été établi des règles précises pour que des données soient désignées comme barcode : les séquences doivent être dans la région du barcoding, leur qualité doit atteindre le standard requis et provenir d'un spécimen dont l'assignation taxonomique peut être vérifiée, le plus souvent par association avec un spécimen d'une collection majeure.

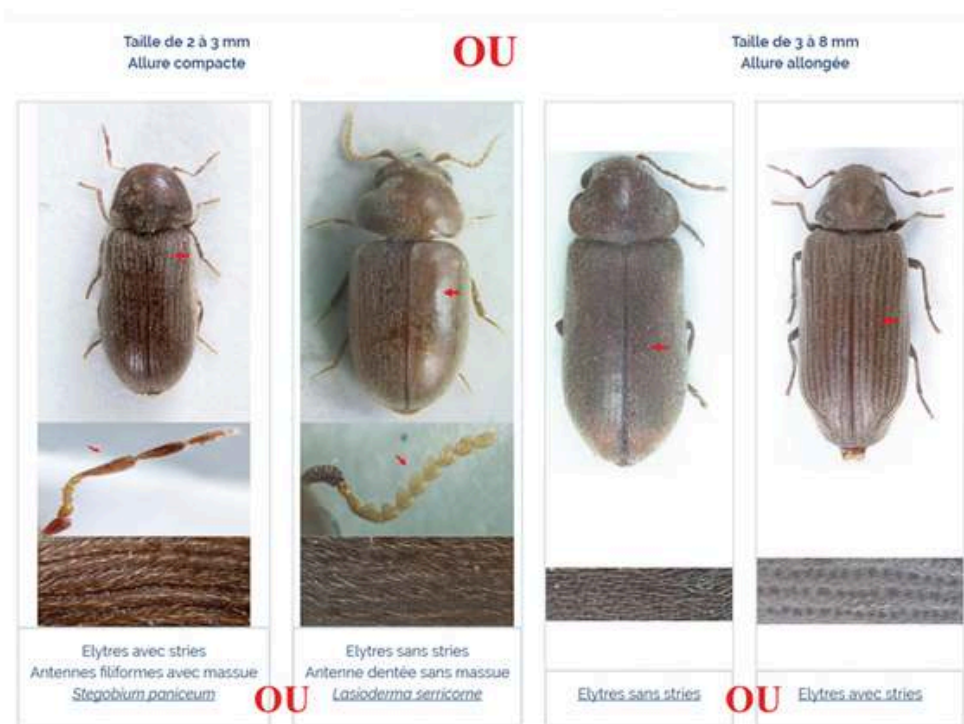
- 35 Afin de répondre à ces critères et être en mesure de produire des barcodes les plus fiables, l'acquisition des données de barcoding se répartit entre taxonomiste et biologiste moléculaire. Les taxonomistes vont collecter les spécimens, récolter les données de collectes (coordonnées GPS, date de récolte...), prendre des photographies des spécimens, garder des spécimens en références (spécimen Voucher) qui sont, dans la mesure du possible, les mêmes individus qui vont servir à l'acquisition des données moléculaires. Puis, il va faire une rapide identification des spécimens.
- 36 Les biologistes moléculaires vont extraire l'ADN sur le spécimen de références de préférence, mais ceci dépend de la taille et de la "fragilité" de l'insecte. Pour les insectes de taille importante, le plus souvent, seule une patte va être prélevée pour les analyses moléculaires. Pour des individus plus petits, des méthodes non destructives vont être préconisées c'est-à-dire que l'individu entier est utilisé lors de l'extraction d'ADN et dans la plupart des cas, l'individu peut être redonné au taxonomiste.
- 37 Une fois l'ADN extrait, la région du barcode va être amplifiée par la technique de PCR (Polymerase Chain Reaction ou réaction de polymérase en chaîne). Cette technique permet d'obtenir un très grand nombre de copies d'une séquence d'ADN choisie, dans notre cas les 658 paires de bases du gène COI. Une fois l'amplification réalisée l'ordre d'enchaînement des nucléotides (Adénine, Thymines, Guanine et Cytosine) c'est-à-dire la séquence va être déterminée par la technique de séquençage Sanger.
- 38 La séquence obtenue est nettoyée, vérifiée puis analysée et comparée aux autres séquences de la base de données BOLD Systems. Si la séquence est similaire à d'autres séquences alors l'individu appartient à l'espèce ayant le même barcode. Si la séquence ne "matche" aucune séquence connue dans cette base, alors l'individu appartient à une espèce n'ayant pas encore de barcode. Dans ce dernier cas, il faut impérativement que le taxonomiste revienne au spécimen de référence afin de réaliser une identification morphologiquement précise.

La page de démarrage de BoldSystems



- 39 C'est ainsi que le barcoding permet de concentrer les efforts des taxonomistes uniquement sur les spécimens problématiques. Ces études taxonomiques peuvent amener à deux résultats, soit la détermination morphologique est claire et c'est un nouveau barcode qui va pouvoir intégrer les bases de données, soit la détermination est ambiguë, l'individu ressemble à une espèce déjà barcodée, et dans ce cas il faut utiliser un autre gène (un gène nucléaire, le plus souvent l'ITS : Internal Transcribed Spacer) pour confirmer ou infirmer l'appartenance à l'espèce morphologique déterminée.
- 40 Si la séquence du gène nucléaire est identique aux autres individus de l'espèce cela veut dire qu'il existe deux lignées mitochondriales appartenant à la même espèce et que le barcode utilisant le fragment COI n'est pas pertinent dans ce cas. En revanche, si la séquence du gène nucléaire est différente il existe deux espèces distinctes, le taxonomiste étudiera plus précisément ces espèces cryptiques dans le but de trouver des caractères morphologiques qui les distinguent.
- 41 La base "Insectes du patrimoine culturel, insectes dangereux pour les œuvres patrimoniales" aide à identifier les spécimens de façon morphologique et la base BOLD systems de façon moléculaire.
- 42 Tout le monde n'ayant pas un laboratoire de biologie moléculaire, deux entreprises proposent un service de barcoding moléculaire permettant l'identification d'espèces (GenoScreen, www.genoscreen.fr, et le Canadian Centre for DNA Barcoding CCDB, <http://ccdb.ca/speciesid.php>). Ces analyses sont réalisées à partir d'échantillons qui doivent être fraîchement collectés et préservés dans de l'alcool à au moins 90 %. Ces services de séquençage utilisent les mêmes techniques qui ont été citées précédemment ainsi que la base de données BOLD systems.
- 43 Les résultats seront donc toujours dépendants de la base, l'échantillon peut être identifié jusqu'à l'espèce s'il appartient à une espèce déjà séquencée sinon l'identification peut être uniquement au genre, à la famille ou à l'ordre.
- 44 Ainsi, le barcoding moléculaire rend possible l'identification d'insectes pour tout professionnel chargé de la conservation du patrimoine sans avoir besoin au préalable de connaissances en entomologie ou en biologie moléculaire.

Un exemple d'organisation d'une partie de la clé des *Ptinidae* qui présente le choix entre deux alternatives.



Conclusion

- 45 Les causes de la présence des insectes dans les lieux muséographiques peuvent être multiples et variées et dépendent bien souvent de quelques facteurs, le niveau d'entretien des collections étant un facteur clé pour leur implantation et leur pullulation. Ces causes ne peuvent être pleinement analysées que par l'identification des espèces d'insecte rencontrées dans ces lieux. Leur détection précoce suivie d'une identification fiable permet bien souvent d'entreprendre rapidement des actions qui limitent leur développement et leur propagation. D'une bonne identification de ces insectes, découlera les différentes actions spécifiques à mener pour permettre de maintenir les œuvres dans des conditions de conservation optimale.
- 46 Le contenu présenté dans la base de données "Insectes du patrimoine culturel", loin d'être exhaustif, permet dans un premier temps d'aborder plus sereinement les questions d'infestations et de propagations des insectes. Riche d'informations sur la biologie et le développement de ces nuisibles, elle permet d'analyser les diverses situations que l'on rencontre quasi quotidiennement dans ces institutions muséographiques et ainsi de palier plus rapidement les désordres ou défauts observés. Cette base de données ne peut prendre toute son importance, qu'avec en parallèle, la mise en place de formations plus spécifiques des équipes chargées de la conservation des collections.
- 47 Enfin, de par leur qualité d'identification, leur rapidité d'analyse et leur protocole simplifié, les outils moléculaires présentent une alternative intéressante à l'identification classique des insectes, sans pour autant la supplanter. Ces nouveaux

outils analytiques doivent être perçus comme complémentaires aux moyens traditionnellement utilisés et peuvent être d'une aide précieuse à toute personne qui s'intéresse de près ou de loin à la conservation de notre patrimoine.

BIBLIOGRAPHIE

Ils peuvent détruire notre patrimoine. *Insectes coléoptères*. Posters 1 et 2, Ocim.

Croqueurs de Patrimoine. Les infestations entomologiques : enjeux d'aujourd'hui, politique de demain.
Dijon : EUD/Ocim, 278 p. (à paraître).

Rubrique Insectes muséophages du site Internet de l'Ocim : <https://ocim.fr/repertoires/insectes>

NOTES

1. Martinez, M., Germain, J.-F. et. Streito, J.-C. *AFPP, colloque ravageurs et insectes invasifs et émergents Montpellier, 21 octobre 2014 : actualités entomologiques : nouveaux insectes ravageurs introduits en France métropolitaine* (juillet 2005 à juin 2014).
2. Fohrer, F. Les infestations en milieu patrimonial : approches techniques et méthodologiques, *La Lettre de l'Ocim*, n°138, 2011, pp. 33-40.
3. Delobel, A. et Tran, M. Les coléoptères des denrées alimentaire entreposées dans les régions chaudes, *Faune tropicales*, XXXII, Paris : Orstom/CTA, 1993, pp. 124-125.
4. *De l'usage des pièges à lumière ultra violette pour surveiller les risques d'infestation*. Fiche pratique du CICRP : www.cicrp.fr/pieges-insectes-uv.html
5. Watson, J.-D. et Crick, F.-H.-C. Molecular Structure of Nucleic Acids: A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid, *Nature*, n°171 (4356), 1953, pp. 737-738.
6. Hebert, P.-D.-N., Cywinska, A., Ball, S.-L. et De Waard, J.-R. Biological identifications through DNA barcodes, *Proc R Soc B Biol Sci*, n°270 (1512), 2003, pp. 313-321.
7. Meusnier, I., Singer, A.-C., Landry, J.-F., Hickey, D.-A., Hebert, P.-D.-N. et Hajibabaei, M. A universal DNA mini-barcode for biodiversity analysis. *BMC Genomics*, n°9, 2008, p. 214.
8. Saitoh, T., Sugita, N., Someya, S., Iwami, Y., Kobayashi, S., Kamigaichi, H., Higuchi, A., Asai, S., Yamamoto, Y. et Nishiumi, I. DNA barcoding reveals 24 distinct lineages as cryptic bird species candidates in and around the Japanese Archipelago, *Mol Ecol Resour*, n°15, 2015, pp. 177-186.
9. Sağlam, N., Saunders, R., Lang, S.-A. et Shain, D.-H. A new species of *Hirudo* (Annelida: Hirudinidae): historical biogeography of Eurasian medicinal leeches, *BMC Zoology*, n°1, 2016, p. 5.
10. Ratnasingham, S. et Hebert, P.-D.-N. BOLD: The Barcode of Life Data System (www.barcodinglife.org), *Molecular Ecology Notes*, n°7, 2007, pp. 355-364.

RÉSUMÉS

La base de données "Insectes du patrimoine culturel" recense les espèces d'insectes s'attaquant aux collections muséales sous toutes leurs formes ; elle donne les clés et les différentes procédures pour l'identification de ces insectes afin de limiter leur développement et leur propagation et permettre aux institutions patrimoniales d'envisager des actions curatives et préventives adaptées.

INDEX

Mots-clés : insecte, nuisibles, collections

AUTEURS

FABIEN FOHRER

entomologiste et microbiologiste au Centre Interdisciplinaire de Conservation et de Restauration du Patrimoine
fabien.fohrer@cicrp.fr

MICHEL MARTINEZ

entomologiste, ingénieur Inra retraité
papimouche@wanadoo.fr

ISABELLE MEUSNIER

bio moléculare, ingénieure Inra
isabelle.meusnier@gmail.com