

Phytoprotection



Communications scientifiques Paper Session

Volume 96, Number 1, 2016

URI: <https://id.erudit.org/iderudit/1037537ar>

DOI: <https://doi.org/10.7202/1037537ar>

[See table of contents](#)

Publisher(s)

Société de protection des plantes du Québec (SPPQ)

ISSN

1710-1603 (digital)

[Explore this journal](#)

Cite this document

(2016). Communications scientifiques. *Phytoprotection*, 96(1), 29–32.
<https://doi.org/10.7202/1037537ar>

Tous droits réservés © La société de protection des plantes du Québec, 2016

This document is protected by copyright law. Use of the services of Érudit (including reproduction) is subject to its terms and conditions, which can be viewed online.

<https://apropos.erudit.org/en/users/policy-on-use/>

érudit

This article is disseminated and preserved by Érudit.

Érudit is a non-profit inter-university consortium of the Université de Montréal, Université Laval, and the Université du Québec à Montréal. Its mission is to promote and disseminate research.

<https://www.erudit.org/en/>

visent actuellement à recueillir des informations à propos de sa virulence dans de nombreuses cultures. Dans un premier temps, le spectre d'hôte de *P. allenii* a été étudié et il s'avère qu'il diffère légèrement de celui de *P. penetrans*. Par exemple, le millet perlé, utilisé pour la gestion de *P. penetrans*, est un hôte sensible à *P. allenii*. Ensuite, une méthode moléculaire de détection et de quantification simultanée de *P. allenii* et de *P. penetrans* a été développée. Deux sondes ciblant la région D2/D3 de la grande sous-unité ribosomale ont été conçues et se sont avérées spécifiques.

Identification et caractérisation de facteurs de transcription impliqués dans la régulation de la réponse de défense basale aux microorganismes chez le peuplier

M. Vautier^{1,2}, M. Benchabane¹, G. Pelletier¹, M.-J. Morency¹ et A. Séguin¹. ¹Centre de foresterie des Laurentides, Ressources naturelles Canada, Québec (Québec), Canada G1V 4C7; ²Département des sciences du bois et de la forêt, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1V 0A6

Lorsqu'une plante perçoit la présence d'un micro-organisme, elle déclenche une réponse très efficace :

la réponse de défense basale. Toutefois, celle-ci peut parfois être déjouée par le microorganisme, qui peut alors devenir infectieux. Il est ainsi crucial de mieux comprendre les mécanismes de cette réponse de défense et plus particulièrement sa régulation. Le but de ce projet est d'identifier et de caractériser des facteurs de transcription, des protéines connues pour jouer des rôles clés dans les mécanismes de régulation génique, qui sont impliqués dans la régulation de cette réponse de défense basale. L'étude a été réalisée chez le peuplier (*Populus* spp.), un arbre modèle en génomique. Notre approche a d'abord permis d'identifier l'ensemble des gènes codants pour des facteurs de transcription dont l'expression est modifiée lors de cette réponse de défense. Certains de ces facteurs possédant un domaine spécifique ont ensuite été testés pour leur interaction avec une protéine ayant un rôle central dans la réponse de défense basale. Parmi les facteurs de transcription qui interagissent avec cette protéine, un candidat a été caractérisé grâce à des analyses transcriptomiques. Cela a permis de montrer que ce facteur de transcription est fortement impliqué dans la réponse de défense basale chez le peuplier et permet même de l'amplifier.

Communications scientifiques / Paper Session

Sélection assistée par marqueurs pour une luzerne plus résistante aux maladies

P. Audy, A. Claessens et Y. Castonguay. Centre de recherche et de développement sur les sols et les grandes cultures, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Québec (Québec), Canada G1V 2J3

Deux des maladies prépondérantes causant le dépérissement de nos luzernières au Québec sont le pourridié phytophthoréen (PRR) et la nécrose racinaire précoce (ARR). Ces maladies sont causées par deux oomycètes, soit *Phytophthora medicaginis* et *Aphanomyces euteiches*, respectivement. Ces organismes pathogènes sont très actifs sous les conditions froides et humides qui prévalent au printemps et à l'automne. Une approche de sélection basée sur l'utilisation de marqueurs moléculaires pourrait faciliter significativement l'identification de plants de luzerne résistants et, par conséquent, accélérer le développement de cultivars résistants. Dans notre étude, deux germoplasmes dérivés des cultivars Apica et Caribou et sensibles au PRR et à l'ARR ont été utilisés pour générer des populations plus tolérantes à ces maladies à l'aide de trois cycles de sélection récurrente sous grande pression pathogénique. Des marqueurs potentiels de polymorphismes d'amplification liés à la séquence (SRAP) ont été identifiés par l'analyse de ségrégants regroupés. Trois paires d'amorces ont généré des fragments polymorphiques d'ADN associés à la tolérance au PRR chez les populations dérivées du cultivar Apica. Nos résultats démontrent que l'approche SRAP et l'analyse par

ségrégants regroupés de populations améliorées par sélection récurrente constituent une stratégie efficace pour identifier des marqueurs potentiels de résistance aux maladies chez la luzerne.

Modélisation de la survie hivernale du nématode cécidogène *Meloidogyne hapla* en sol organique

G. Bélair, M.-P. Ricard et G. Bourgeois. Centre de recherche et développement en horticulture, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Saint-Jean-sur-Richelieu (Québec), Canada J3B 3E6

Les facteurs météorologiques ayant un effet significatif sur la survie hivernale du *M. hapla* ont été étudiés en utilisant une base de données de 9 ans. Un modèle bioclimatique permettant de prédire le taux de survie hivernal des populations de nématodes en fonction des conditions météorologiques hivernales a été développé. Les densités de nématodes à l'automne et au printemps ont été estimées à la fois par un bioessai sur plante hôte et par une extraction de sol réalisée selon la méthode d'assiette de Baermann. Les taux relatifs de changement de la population varient d'année en année et avec la méthode d'estimation des nématodes. Selon une régression de type « Stepwise », deux facteurs significatifs ont été retenus : la quantité de précipitations au cours des 5 j avant le premier gel au sol et le nombre de jours avec une température ≤ -2 °C en décembre. Les précipitations sous forme de pluie juste avant le gel du sol se sont avérées le principal facteur significatif ayant un

impact sur le taux de survie hivernal. La méthode par bioessai a fourni l'évaluation la plus fiable de la survie à l'hiver. Selon le modèle, les deux facteurs météorologiques ont un effet positif sur la survie des larves et un effet négatif sur les masses d'œufs.

Inhibition du mildiou de la pomme de terre par l'application foliaire de bactéries antagonistes au *Phytophthora infestans*

N. Foran¹, P. Audy², S.M. Boyetchko³ et V. Gravel¹. ¹Department of Plant Science, Macdonald College, McGill University, Ste-Anne-de-Bellevue (Québec), Canada H9X 3V9; ²Centre de recherche et de développement sur les sols et les grandes cultures, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Québec (Québec), Canada G1V 2J3; ³Centre de recherche de Saskatoon, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Saskatoon (Saskatchewan), Canada S7N 0X2

Le mildiou de la pomme de terre est l'une des plus importantes maladies végétales avec des coûts annuels totalisant plus de 6 milliards de dollars mondialement. Les fongicides de synthèse sont largement utilisés par les producteurs de pomme de terre, mais les pressions des marchés pour des aliments plus verts stimulent l'exploration d'alternatives biologiques. De plus, avec l'incidence de nouvelles souches de *P. infestans* (*Pi*) insensibles à certains fongicides, les producteurs font face à de nouveaux défis dans la lutte au mildiou. L'objectif de cette étude était de développer un bioessai pour évaluer des isolats bactériens prometteurs comme agents biologiques de contrôle du mildiou. Plus de 50 isolats bactériens ont été évalués sur des feuilles détachées, desquels six candidats se sont révélés d'intérêt. Quatre traitements ont été effectués : 1) l'organisme pathogène seul (*Pi*), 2) la culture bactérienne + *Pi*, 3) le filtrat bactérien + *Pi* et 4) la culture bactérienne stérilisée + *Pi*. Le traitement témoin consistait en des feuilles non exposées au *Pi* ou aux bactéries. L'application foliaire de certaines cultures bactériennes et, dans quelques cas, de filtrats bactériens, a mené à des diminutions significatives des dommages causés par le mildiou de la pomme de terre. Des essais futurs utilisant des plants entiers sont en préparation.

Les maladies virales : symptomatologie et analyses

G. Gilbert, F. Bélanger, M. Berrouard, A.-M. Breton, J. Caron, C. Malenfant, N. Shallow. *Laboratoire de diagnostic en phytoprotection, Direction de la phytoprotection, Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec, Québec (Québec), Canada G1P 3W8*

En 2014, 89 % des maladies identifiées sur les échantillons de plantes portant des symptômes étaient d'origine parasitaire, une proportion qui tend à augmenter. Par contre, la part des maladies virales dans cette proportion demeure stable, variant de 5 à 10 %. Les cultures serricoles sont souvent plus affectées que les autres cultures; chez les plantes ornementales, près d'une vingtaine de virus différents sont fréquemment détectés. Des contraintes

peuvent cependant être rencontrées pour établir un diagnostic de maladie virale. D'abord, le test sérologique ELISA, la principale méthode utilisée pour le diagnostic des virus, ne permet pas d'en détecter tous les types; la PCR et, ultimement, la microscopie électronique, sont des alternatives. Les symptômes typiquement associés aux viroses sont rares; il est facile de confondre une carence de microéléments ou même une phytotoxicité avec les dommages causés par certains virus. Des complexes viraux infectant une même plante vont provoquer des dommages plus importants; l'effet combiné des potyvirus et du INSV sur le brugmansia est manifeste à cet égard. Certains virus sont faiblement immunogènes, ce qui limite la disponibilité de l'anticorps nécessaire à leur détection par l'ELISA; SMOV, SVBV, SCrV et SPaV, des virus associés au dépérissement des fraisières, en sont des exemples.

Étude métagénomique de la diversité bactérienne, fongique et microfaunique des sols d'un agroécosystème de la pomme de terre

T. Jeanne¹, R. Hogue¹, N. Sanson et L.-É. Parent². ¹Institut de recherche et de développement en agroenvironnement (IRDA), Québec (Québec), Canada G1P 3W8; ²Département des sols et de génie agroalimentaire, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1V 0A6

Dans une étude visant à développer les services écosystémiques à la ferme, deux objectifs ont été ciblés : améliorer la gestion des éléments nutritifs dans l'agroécosystème de la pomme de terre et identifier des indicateurs microbiens de la santé des sols et de la qualité de la pomme de terre. Pour ce projet, 16 sites situés dans quatre régions de la province de Québec ont été utilisés. Chaque site a été divisé en quatre parcelles géoréférencées en 2013 et 2014. Quatre régies de précédents culturaux ont été évaluées dans ces agroécosystèmes : 1 an/1 an (maïs-grain/pomme de terre); 2 ans/1 an (avoine/ray-grass/pomme de terre, avoine/moutarde/pomme de terre ou orge/avoine/pomme de terre). Les variables suivantes ont été mesurées : le rendement, la biomasse aérienne, la qualité des tubercules, la granulométrie et la porosité du sol, le pH, le pourcentage de matière organique, les macro- et microéléments, ainsi que la diversité des bactéries, des champignons et de la microfaune. Des échantillons de sol ont été prélevés aux stades de floraison et de maturation. Les ADN ont été extraits puis amplifiés par PCR avec des amorces ciblant les gènes 16S ADNr et 18S ADNr. Les amplicons obtenus ont été séquencés en utilisant une stratégie 2X300 pb sur une plate-forme MiSeq Illumina. Une analyse bioinformatique a été effectuée afin de traiter les millions de séquences obtenues. Elle a permis de 1) comparer avec précision la diversité microbienne du sol des parcelles avec l'abondance relative de chaque groupe microbien, 2) déterminer les indices de diversité (Faith's, Shannon, Chao1, Simpson) et 3) comparer entre elles les communautés microbiennes des sols par l'intermédiaire d'indices de similarité (UniFrac, Bray et Curtis). Cela a ainsi permis d'établir des relations avec les variables agronomiques. Le projet se poursuit en 2015 afin de compléter la base de données nécessaire à la méta-analyse.

Nous sommes prêts... pour la détection moléculaire de dix des agents pathogènes forestiers exotiques les plus indésirables au Canada!

J. Lamarche¹, A. Potvin¹, G. Pelletier¹, D. Stewart¹, N. Feau², D.I.O. Alayon², A.L. Dale^{2,3}, A. Coelho³, A. Uzunovic³, G.J. Bilodeau⁴, S.C. Brière⁵, R.C. Hamelin^{1,2} et P. Tanguay¹. ¹Centre de foresterie des Laurentides, Ressources naturelles Canada, Québec (Québec), Canada G1V 4C7; ²Department of Forest and Conservation Sciences, University of British Columbia, Vancouver (Colombie-Britannique), Canada V6T 1Z4; ³FPIInnovations, Vancouver (Colombie-Britannique), Canada V6T 1Z4; ⁴Laboratoire de recherche sur l'identification des agents pathogènes, Agence canadienne d'inspection des aliments, Ottawa (Ontario), Canada K2H 8P9; ⁵Laboratoire des plantes, Agence canadienne d'inspection des aliments, Ottawa (Ontario), Canada K2H 8P9

Les agents pathogènes forestiers exotiques envahissants peuvent causer des pertes économiques importantes ainsi que des dommages à grande échelle dans nos écosystèmes naturels. La détection précoce est une approche clé pour prévenir leur établissement et leur propagation. Dans le cadre du projet TAIGA, nous avons développé des outils de détection moléculaire qui ciblent dix des agents pathogènes forestiers exotiques les plus indésirables au Canada. Ces outils de détection spécifiques, qui utilisent la technique de PCR en temps réel avec sonde TaqMan, ont également été conçus pour être utilisés dans des conditions homogènes et permettent la détection simultanée de cibles multiples sur un grand nombre d'échantillons. Tous les essais se sont avérés très spécifiques lorsqu'ils ont été validés contre un panel de cultures pures d'espèces cibles et d'espèces phylogénétiquement apparentées. De plus, leur grande sensibilité permet la détection d'une à dix copies du gène cible. Ils sont également très précis, avec un coefficient de variation moyen de 3,4 % qui démontre leur répétabilité. Finalement, tous les essais ont permis de détecter l'agent pathogène cible sur des échantillons environnementaux positifs, sans aucune amplification non spécifique. Ces outils de détection moléculaires sont actuellement en cours de transfert à l'Agence canadienne d'inspection des aliments (ACIA).

Encre des chênes rouges : observations microscopiques de l'interaction entre *Phytophthora ramorum* et différents hôtes potentiels

D. Rioux¹, M. Blais¹, M. Lagacé¹, M. Simard¹, P.K. Tsae², T.J. Avis², G. Bilodeau³, R. Tweddell⁴, R. Wilson⁵, B. Broadhurst⁶ et B.J. Saville⁶. ¹Centre de foresterie des Laurentides, Ressources naturelles Canada, Québec (Québec), Canada G1V 4C7; ²Department of Chemistry, Carleton University, Ottawa (Ontario), Canada, K1S 5B6; ³Laboratoire de recherche sur l'identification des agents pathogènes, Agence canadienne d'inspection des aliments, Ottawa (Ontario), Canada K2H 8P9; ⁴Centre de recherche en horticulture, Université Laval, Québec (Québec), Canada

G1V 0A6; ⁵Division de la santé des forêts et de la sylviculture, Ministère des Richesses naturelles et des Forêts de l'Ontario, Sault Ste. Marie (Ontario), Canada P6A 6V5; ⁶Forensic Science Program, Trent University, Peterborough (Ontario), Canada K9J 7B8

Le *Phytophthora ramorum* (Pr) est établi sur la côte Ouest américaine et il a été introduit dans des pépinières à quelques occasions dans l'est des États-Unis, où il fut éradiqué. Comme le Pr infecte de nombreux hôtes, on doit mieux connaître la sensibilité des plantes qui nous entourent afin d'améliorer l'évaluation des risques phytosanitaires. Le Pr a été inoculé dans des feuilles, des tiges et des racines d'espèces d'arbres communes dans l'Est canadien afin d'évaluer leur sensibilité. Nous avons aussi étudié en microscopie la colonisation du Pr dans les tissus des arbres afin d'observer comment ces derniers réagissent à cette invasion. Le Pr colonise intercellulairement, mais il peut aussi s'attaquer aux parois secondaires, surtout lorsque les tissus deviennent moribonds (par exemple, les tiges d'*Abies balsamea* et de *Larix laricina*). Chez les tiges envahies après l'inoculation racinaire, les parois sont altérées comme si elles avaient été attaquées par des champignons de carie molle. Nous tentons de confirmer que le Pr est bien responsable de ces dommages, car ce serait inédit pour une espèce de *Phytophthora*. Les plants infectés se défendent, entre autres, en produisant des phénols (p. ex. *Quercus rubra*), en obstruant leurs vaisseaux (p. ex. *Fraxinus americana*) et en compartimentant le Pr dans l'écorce et dans le bois (p. ex. *Acer saccharum*).

Inventaire des champignons phytopathogènes présents dans les racines de soja de la Montérégie

S. Rioux¹, N. Bourget¹, Y. Faucher², A. Rondeau², S. Thibaudeau³, B. Duval⁴, S. Mathieu⁵, A.-M. Breton⁶, L. O'Donoghue⁷ et A.-È. Gagnon⁷. ¹Centre de recherche sur les grains, Québec (Québec), Canada G1P 3W8; ²Direction régionale de la Montérégie-Est, Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec, Saint-Hyacinthe (Québec), Canada J2S 8W7; ³Club agroenvironnemental du bassin La Guerre, Howick (Québec), Canada J0S 1G0; ⁴Direction régionale du Centre-du-Québec, Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec, Nicolet (Québec), Canada J3T 1Y2; ⁵Centre de services agricoles Montérégie-Ouest, Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec, Saint-Jean-sur-Richelieu (Québec), Canada J3B 2C2; ⁶Laboratoire de diagnostic en phytoprotection, Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec, Québec (Québec), Canada G1P 3W8; ⁷Centre de recherche sur les grains, Saint-Mathieu-de-Beloeil (Québec), Canada J3G 0E2

Un inventaire des champignons responsables de maladies racinaires chez le soja a été entrepris en 2014 en Montérégie-Est et Ouest, les deux régions

du Québec comptant les plus grandes superficies de soja. Vingt champs ont été échantillonnés dans chacune des régions au stade de deux feuilles trifoliées du soja. Douze plantules incluant les racines et du sol ont été prélevées par champ à quatre endroits différents. Au laboratoire, après avoir lavé les racines, un indice racinaire variant de 0 à 5 a été estimé pour chaque plantule; la catégorie 0 correspondait à des racines abondantes, sans nécrose, et la catégorie 5 à très peu de racines. Des sections de collet et de racines ont ensuite été mises en culture sur quatre milieux sélectifs différents afin de révéler la présence de champignons phytopathogènes. L'indice racinaire moyen a été de 2,5 en Montérégie-Est et 2,7 en Montérégie-Ouest. Des *Pythium* et *Fusarium* étaient présents dans 80 à 90 % des plantules, alors que *Rhizoctonia solani* et *Thielaviopsis basicola* se trouvaient dans 5 à 7 % des plantules. *Fusarium solani*, *F. oxysporum* et *F. equiseti* étaient les *Fusarium* les plus communs. *Phytophthora sojae* n'a été isolé d'aucune racine, mais il a été isolé dans le sol de 25 % des champs échantillonnés.