

Phytoprotection



Résumés des communications scientifiques

Communications étudiantes

Paper Session Abstracts

Student Paper Session

Volume 96, numéro 1, 2016

URI : <https://id.erudit.org/iderudit/1037536ar>

DOI : <https://doi.org/10.7202/1037536ar>

[Aller au sommaire du numéro](#)

Éditeur(s)

Société de protection des plantes du Québec (SPPQ)

ISSN

1710-1603 (numérique)

[Découvrir la revue](#)

Citer ce document

(2016). Résumés des communications scientifiques : communications étudiantes. *Phytoprotection*, 96(1), 25–29. <https://doi.org/10.7202/1037536ar>

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

Cet document est protégé par la loi sur le droit d'auteur. L'utilisation des services d'Érudit (y compris la reproduction) est assujettie à sa politique d'utilisation que vous pouvez consulter en ligne.

<https://apropos.erudit.org/fr/usagers/politique-dutilisation/>

érudit

Cet article est diffusé et préservé par Érudit.

Érudit est un consortium interuniversitaire sans but lucratif composé de l'Université de Montréal, l'Université Laval et l'Université du Québec à Montréal. Il a pour mission la promotion et la valorisation de la recherche.

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

Évaluation de différents sels et mélanges de sels pour lutter contre *Pseudomonas cichorii* chez la laitue

H. Affia¹, V. Toussaint² et R.J. Tweddell¹. ¹Centre de recherche en horticulture, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1V 0A6; ²Agriculture et Agroalimentaire Canada, Saint-Jean-sur-Richelieu (Québec), Canada J3B 3E6

La culture de la laitue (*Lactuca sativa*) connaît d'importantes pertes attribuables à la bactérie *Pseudomonas cichorii* qui est responsable de la maladie des taches et des nervures noires. Aucun bactéricide n'étant actuellement homologué au Canada pour cette culture, les méthodes de lutte contre cette bactériose sont très limitées. Des sels reconnus inoffensifs (*generally recognized as safe* (GRAS)) qui sont utilisés comme agents de conservation alimentaire et pharmaceutique et qui ont démontré une efficacité phytoprotectrice présentent un intérêt dans la lutte contre *P. cichorii*. Cette étude s'inscrit dans ce contexte et a pour objectifs de 1) déterminer les concentrations minimales inhibitrices (MIC) de sels et de mélanges de sels envers des souches virulentes de *P. cichorii* et 2) évaluer l'effet de ces sels et mélanges de sels appliqués à des concentrations correspondant aux MIC sur le développement de la maladie. Les résultats obtenus montrent une réduction significative, bien que partielle, de la sévérité des symptômes après l'application de NaHCO₃ (160 mM), de AlCl₃ (4 mM) et des mélanges Na₂S₂O₅ + CaCl₂ (12 mM), Na₂S₂O₅ + AlCl₃ (4 mM) et Na₂S₂O₅ + NaHCO₃ (125 mM). Ces résultats illustrent que les sels ont le potentiel de réduire la sévérité de cette bactériose et pourraient donc compléter une approche de lutte intégrée.

L'induction de la résistance chez des plants de tomate par la combinaison de stress abiotiques et biotiques

I. Ben Rejeb^{1,2}, V. Gravel² et B. Mauch-Mani¹. ¹Laboratoire de Biologie Moléculaire et Cellulaire des Plantes, Université de Neuchâtel, Neuchâtel, Suisse 2000; ²Department of Plant Science, Macdonald Campus, McGill University, Ste-Anne-de-Bellevue (Québec) Canada H9X 3V9

La capacité défensive d'une plante peut être améliorée par un traitement avec divers composés synthétiques et naturels, comme l'acide beta-amino-butérique (BABA), qui sont capables d'améliorer le système immunitaire des plantes stressées et le rendre plus résistant; cela s'appelle *Priming*. Ces plantes expriment une défense rapide et plus intense lors de l'exposition à un stress biotique ou abiotique. Traditionnellement, le stress chez la plante a été étudié par l'exposition à un seul type de stress, comme la sécheresse, la salinité ou une infection. Cependant, ce type d'analyse entre en contradiction avec les conditions naturelles auxquelles les plantes sont soumises, soit une combinaison simultanée de

différents stress abiotiques et biotiques qui limitent leur rendement. Des études récentes montrent que la combinaison de stress abiotiques et biotiques peut avoir un effet positif sur la performance de la plante en réduisant sa sensibilité aux stress biotiques. Dans le cadre de ce projet, nous avons trouvé que des plants de tomate traités avec BABA avaient montré une expression importante et rapide des gènes PR1 et PR5 après l'application d'une combinaison de stress salin et d'infection par *Botrytis cinerea*, assurant par la suite une bonne protection contre le stress biotique.

Caractérisation de la diversité bactérienne associée à l'agrile du frêne, *Agrilus planipennis* Fairmaire (Coleoptera : Buprestidae), pour le développement d'outils de lutte biologique

A. Bergeron¹, R. Lavallée², P. Constant¹ et C. Guertin¹. ¹Institut Armand-Frappier, Institut national de la recherche scientifique, Laval (Québec), Canada H7V 1B7; ²Centre de foresterie des Laurentides, Ressources naturelles Canada, Québec (Québec), Canada G1V 4C7

L'agrile du frêne, *Agrilus planipennis* Fairmaire, est un insecte exotique envahisseur ayant causé la mort de millions de frênes, notamment en milieu urbain. Plusieurs espèces d'insectes sont reconnues comme étant vecteur d'une flore bactérienne et fongique. Ces microorganismes associés aux insectes forment un complexe symbiotique qui jouerait un rôle de facilitateur lors de leur établissement sur leur hôte et qui serait impliqué dans divers processus physiologiques chez cet insecte. La caractérisation de la diversité bactérienne d'*A. planipennis* provenant de cinq villes québécoises et ontariennes a été réalisée à l'aide d'une technique de séquençage à haut débit ciblant la région V6-V8 du gène codant pour l'ARNr 16S. Pour la première fois, une combinaison d'analyses statistiques a permis d'observer que quelques membres du microbiome de l'insecte sont endémiques à l'Ontario, alors que d'autres sont cosmopolites. L'identification de ces liens permettra de mieux comprendre l'adaptation de ce ravageur exotique à son environnement, en plus de permettre l'identification de certaines bactéries ayant un rôle clé dans la survie de l'insecte.

Dépistage des insectes vecteurs de virus dans les fraisières du Québec

P. Bonneau¹, S. Tellier² et V. Fournier¹. ¹Centre de recherche en horticulture, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1V 0A6; ²Direction régionale de la Capitale-Nationale, Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec, Québec (Québec), Canada G1N 3Y7

Les fraisières de l'est du Canada sont présentement aux prises avec des symptômes de dépérissement qui sont causés par plusieurs virus (SMYEV, SCrV, SMoV, SVBV et SPaV). Ces virus sont transmis aux fraisiers par l'entremise d'insectes vecteurs, principalement le puceron du fraisier (*Chaetosiphon fragaefolii*) et

l'aleurode commun (*Trialeurodes vaporariorum*). Les principaux objectifs de ce projet sont de 1) déterminer les périodes de vol des insectes vecteurs, 2) comparer l'efficacité de deux techniques de dépistage des vecteurs (pièges collants et pièges-bols) et 3) vérifier, à l'aide d'un test RT-PCR, la prévalence de virus SMYEV chez le puceron du fraisier. Un total de 17 champs de fraisier (rangs nattés) répartis à travers la province ont été échantillonnés durant l'été 2014. Les résultats démontrent que les périodes de vol vont de la fin juin au début septembre, avec un deuxième pic à la mi-octobre, pour le puceron du fraisier et du début juin à la fin octobre pour les aleurodes. Pour ce qui est de dépister l'abondance du puceron du fraisier, les deux techniques de dépistage semblent avoir une efficacité équivalente. Finalement, 20 % des pucerons du fraisier capturés au stade ailé étaient infectés par le virus SMYEV. L'étude va se poursuivre sur une deuxième année.

Caractérisation du microbiome associé au dendroctone du mélèze : vers le développement de nouveaux outils de lutte biologique

A.-A. Durand, J.-P. Buffet, P. Constant, E. Déziel et C. Guertin. Institut Armand-Frappier, Institut national de la recherche scientifique, Laval (Québec), Canada, H7V 1B7

Au Canada et dans le nord des États-Unis, le dendroctone du mélèze (*Dendroctonus simplex*) est un insecte ravageur causant d'importants dommages aux peuplements de mélèze. Plusieurs espèces d'insectes appartenant au genre *Dendroctonus* sont reconnues comme vecteur d'une flore bactérienne et fongique. Ces microorganismes associés aux insectes forment un complexe symbiotique qui facilite leur établissement dans l'environnement subcortical de leur arbre hôte. Dans le cas du dendroctone du mélèze, ce complexe n'a toujours pas été identifié. Afin de trouver de nouvelles avenues de recherche en lutte biologique aux populations de *D. simplex*, la caractérisation de la diversité microbienne associée à ce ravageur forestier a été entreprise à l'aide de techniques de séquençage à haut débit en utilisant une portion du gène codant pour l'ARNr 16S. Une grande diversité bactérienne a été observée chez *D. simplex*. La structure des communautés bactériennes diffère au cours du cycle de développement de l'insecte. De plus, la composition taxonomique bactérienne reste invariable en fonction du site et des années d'échantillonnage. L'identification des bactéries associées à *D. simplex*, ainsi que l'élucidation de leur fonction au sein du complexe symbiotique, permettront de trouver de nouvelles cibles pour lutter contre ce ravageur forestier.

Utilisation du génotypage par séquençage pour l'identification de polymorphismes nucléotidiques simples (SNP) associés aux phénotypes (HG types) du nématode à kyste du soja, *Heterodera glycines*

A.-F. Gendron St-Marseille^{1,3}, J. Brodeur^{1,2} et B. Mimee³. ¹Université de Montréal, Montréal (Québec), Canada H3T 1J4; ²Centre sur la biodiversité, Institut de recherche en biologie végétale, Montréal (Québec), Canada H1X 2B2;

³Centre de recherche et développement en horticulture, Agriculture et Agroalimentaire, Saint-Jean-sur-Richelieu (Québec), Canada J3B 3E6

Le nématode à kyste du soja (NKS, *Heterodera glycines*) est un endoparasite sédentaire des racines qui cause de lourdes pertes économiques dans de nombreux pays. Plusieurs cultivars résistants sont disponibles, mais ils sont tous issus des mêmes sources de résistance. De plus, il existe plusieurs populations de NKS ayant contourné ces gènes de résistance. À l'heure actuelle, la seule méthode d'identification de ces populations virulentes repose sur l'utilisation de la réponse phénologique (capacité à se reproduire) des racines de lignées indicatrices. Cette méthode, bien qu'efficace, demande beaucoup de temps, des installations importantes et du personnel dédié. L'identification de marqueurs moléculaires de type SNP associés à chaque génotype de NKS permettrait de prédire le phénotype (HG type) d'une population très rapidement et à coût moindre. Afin d'y parvenir, l'ADN de 96 populations de NKS, en provenance de 13 États américains, de l'Ontario et du Québec et représentant la plupart des phénotypes présents en Amérique du Nord, a été extrait puis soumis au génotypage par séquençage. Les séquences obtenues ont ensuite été analysées à l'aide de logiciels de bio-informatique afin d'identifier des SNP et de faire des associations avec les génotypes ou les lieux d'origine des populations.

Isolement et détection des champignons causant des maladies foliaires dans les plantations de sapin

J.F. Guertin¹, D. Choquette² et C. Beaulieu¹. ¹Centre SÈVE, Université de Sherbrooke, Sherbrooke (Québec), Canada J1K 2R1; ²Direction régionale de l'Estrie, Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec, Sherbrooke (Québec), Canada J1N 2A5

Dans les récentes années, la présence de maladies foliaires s'est aggravée dans les plantations d'arbres de Noël du Québec. Considérant que la production d'un arbre de Noël est un investissement à long terme pour les producteurs, il est important de développer nos connaissances sur ces maladies qui sont encore peu connues et de produire des outils de détection rapides et efficaces pour évaluer leur présence dans les différentes productions. Les maladies qui sont à l'étude dans ce projet correspondent à la brûlure de la pousse causée par *Delphinella balsameae*, le feutrage blanc causé par *Nematostoma parasiticum*, ainsi que les rouges des aiguilles causés par des représentants des genres *Isthmiella*, *Lirula* et *Rhizosphaera*. Une approche moléculaire a été utilisée pour concevoir des outils de détection en se servant de la technique de la réaction en chaîne de polymérase (PCR). Plus précisément, deux couples d'amorces spécifiques aux champignons pathogènes mentionnés ci-dessus ont été conçus afin de pouvoir effectuer une PCR nichée. Les résultats préliminaires ont permis de mettre en évidence la présence de *Sydowia polyspora* dans la plupart des cas de brûlure des pousses. De plus, des amorces ont été confectionnées pour identifier *Delphinella balsameae*.

Étude transcriptomique du nématode doré durant le processus d'éclosion

J. Lafond-Lapalme^{1,2}, M.-O. Duceppe¹, P. Moffett², G. Bélair¹ et B. Mimee¹. ¹Centre de recherche et développement en horticulture, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Saint-Jean-sur-Richelieu (Québec), Canada J3B 3E6; ²Département de Biologie, Université de Sherbrooke, Sherbrooke, (Québec), Canada J1K 2R1

Le nématode doré, *Globodera rostochiensis*, est un nématode phytoparasitaire qui peut infecter des plantes agricoles telles la pomme de terre, la tomate et l'aubergine. En raison des pertes de rendements considérables qui sont associées à cet organisme, il est justiciable de quarantaine dans plusieurs pays, incluant le Canada. Cette problématique est directement liée à son cycle de vie particulier. Ses œufs sont protégés à l'intérieur d'un kyste où ils peuvent survivre plus de 20 ans en état de dormance. Aussi, l'éclosion est synchronisée avec la présence d'un hôte compatible à proximité, induite par la détection d'exsudats racinaires. Une connaissance approfondie des processus de dormance et d'éclosion nous permettrait de développer de nouvelles approches pour lutter contre le nématode doré. Nous avons utilisé le séquençage à haut débit d'ARN afin d'étudier l'expression des gènes lors de ces deux événements. Nos travaux ont montré que des centaines de gènes sont induits dans les kystes dormants et les kystes exposés à l'exsudat racinaire. Ces gènes codent pour des protéines telles que le tréhalose 6-phosphate synthase, le tréhalose étant un sucre essentiel à la survie prolongée des kystes, et la néprilysine NEP-1, une métalloprotéinase importante durant l'éclosion d'autres nématodes.

Étude des phases de croissance levuriforme et mycélienne du champignon responsable de la maladie hollandaise de l'orme, *Ophiostoma novo-ulmi* : lumière sur des profils de régulation moléculaires spécifiques

M. Nigg^{1,2}, J. Laroche¹, C.R. Landry^{1,3} et L. Bernier^{1,2}. ¹Institut de biologie intégrative et des systèmes, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1V 0A6; ²Centre d'étude de la forêt, Département des sciences du bois et de la forêt, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1V 0A6; ³Département de biologie, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1V 0A6

Le champignon phytopathogène *Ophiostoma novo-ulmi* est l'un des agents responsables de la maladie hollandaise de l'orme. La compréhension du mode de développement de la maladie et des facteurs permettant sa propagation est un sujet essentiel pour assurer une lutte efficace. Ce champignon est dimorphique, c'est-à-dire qu'il peut vivre sous forme de levure et sous forme mycélienne. Cette particularité est définie comme essentielle au pouvoir pathogène du champignon puisque celui-ci utilise les deux phases pour assurer l'infection totale des arbres. Ce postulat reste cependant peu étudié. Nous avons réalisé des analyses de transcriptomique (RNAseq) de ces deux phases chez la souche de référence *O. novo-ulmi*

H327, dont le génome a récemment été séquencé. Les données ont permis de mettre en évidence des gènes spécifiquement exprimés dans l'une ou l'autre phase. De plus, par une étude de génomique comparative, nous avons pu montrer que cet organisme possède des mécanismes de régulation moléculaires qui lui sont propres et qui semblent différents de ceux observés chez les espèces modèles largement décrites dans le cadre du dimorphisme. Nos résultats sont les premiers à offrir des profils complets d'expression de gènes chez *O. novo-ulmi* et seront utilisés pour réaliser une étude plus approfondie de l'implication des deux phases dans le processus de la maladie.

Biodiversité de l'endomycobiome du sapin baumier

J.P. Ponchart^{1,2,3}, J.A. Bérubé³ et L. Bernier^{1,2}. ¹Institut de biologie intégrative et des systèmes, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1V 0A6; ²Centre d'étude de la forêt, Département des sciences du bois et de la forêt, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1V 0A6; ³Centre de foresterie des Laurentides, Ressources naturelles Canada, Québec (Québec), Canada G1V 4C7

Les plantes sont des holobiontes : elles abritent une multitude de microorganismes dont la majorité est encore à décrire. Parmi ceux-ci, les champignons endophytes jouent un rôle important, bien que mal caractérisé : ils confèrent à leur hôte une tolérance aux stress abiotiques et biotiques. Le sapin baumier (*Abies balsamea* [L.] Mill.) est une essence native de la forêt boréale nord-américaine qui est sujette aux stress abiotiques (changements climatiques) et biotiques (notamment, les insectes ravageurs). En utilisant la technique de code-barres moléculaires, on a cherché à mettre en évidence l'ampleur et la nature de l'endomycobiome d'un seul individu de sapin baumier en échantillonnant l'ensemble de l'arbre (n=58 pour le système aérien et n=50 pour le système racinaire). On a ainsi pu mettre en évidence la présence de plus d'un milliard d'unités taxonomiques moléculaires présentant une spécificité de distribution selon le système étudié et le tissu considéré. Cette observation a été confirmée pour le système aérien en utilisant un deuxième jeu de données provenant de 16 arbres répartis sur quatre sites à la Forêt Montmorency. Comprendre la distribution des champignons endophytes pourrait conduire à une meilleure évaluation de leurs rôles écologiques dans l'adaptation des plantes.

Sélection d'un ensemble fiable de gènes de référence pour *Globodera rostochiensis*

M. Sabeh^{1,2}, M.-O. Duceppe¹, M. St-Arnaud², B. Mimee¹. ¹Centre de recherche et de développement en horticulture, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Saint-Jean-sur-Richelieu (Québec), Canada J3B 3E6; ²Institut de recherche en biologie végétale, Université de Montréal et Jardin botanique de Montréal, Montréal (Québec), Canada H1X 2B2

Le nématode doré (*Globodera rostochiensis*) est un endoparasite des racines qui infecte des plantes de

la famille des Solanacées et qui est particulièrement problématique pour la culture de la pomme de terre. Ce nématode est très spécialisé et utilise des protéines spécifiques (effecteurs) afin de déjouer les défenses naturelles de la plante. L'analyse de l'expression de ces gènes est donc essentielle pour le développement d'outils de gestion durables. La technique la plus utilisée pour mesurer l'expression des gènes est la RT-qPCR. Cette technique nécessite toutefois une référence interne, un gène dont l'expression est stable, afin de normaliser les données et d'éliminer les variations liées à la préparation de l'échantillon. Des gènes candidats ont donc été sélectionnés à partir de profils d'expression obtenus par RNA-seq (pmp-3, Y45F10D.4, tba-1, cdc-42, csq-1, eif-3, ama-1, mdh-1, gpd-2, act-1, act-2, aaRS, GR, mce1, ArgRS). La stabilité de l'expression de ces gènes a ensuite été validée dans différentes conditions par RT-qPCR et comparée à l'aide du logiciel RefFinder. Les gènes de référence retenus seront utilisés dans la suite de ce projet pour étudier l'expression de gènes d'intérêt chez les différents pathotypes de *G. rostochiensis* et en présence ou non de champignons mycorhiziens à arbuscules.

Amélioration de la lutte biologique contre les tétranyques dans les framboisiers sous grand tunnel : essais d'un supplément nutritif pour les prédateurs et les plantes-réservoirs

M. St-Laurent¹, S. Tellier², J. Leblanc² et V. Fournier¹. ¹Département de phytologie, Centre de recherche en horticulture, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1V 0A6; ²Direction régionale de la Capitale-Nationale, Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec, Québec (Québec), Canada G1N 3Y7

La culture des framboisiers sous tunnel offre un rendement et une qualité de fruits plus élevés qu'en champ. Ce type de régie procure toutefois un milieu idéal pour la prolifération des tétranyques à deux points (*Tetranychus urticae*). Le prédateur *Amblyseius fallacis* démontre un bon potentiel de répression sous grand tunnel. Dans l'objectif d'améliorer le développement de ce phytoséide et d'en diminuer les introductions, la méthode des plantes-réservoirs combinée à l'utilisation d'un supplément nutritif à base de pollen a été testée. *Sorbaria sorbifolia* est la plante-réservoir et le supplément nutritif est le Nutrimite (Biobest). L'efficacité de quatre traitements a été testée à l'été 2014 : 1) *A. fallacis* seuls (témoin), 2) *A. fallacis* et Nutrimite, 3) *A. fallacis* et *S. sorbifolia* et 4) *A. fallacis*, *S. sorbifolia* et Nutrimite. Les essais ont été conduits en entreprises, chez deux producteurs de la grande région de Québec. Les résultats démontrent que le traitement « *A. fallacis* et Nutrimite » est le plus efficace et de coûts moindres. Le supplément nutritif a un effet positif sur l'efficacité de prédation d'*A. fallacis*, mais l'utilisation de *S. sorbifolia* n'a malheureusement pas été concluante. Les essais se poursuivront à l'été 2015 avec certaines modifications, incluant la brumisation.

Preuve de concept sur l'utilisation du séquençage de nouvelle génération (SNG) pour la détection de spores fongiques de ravageurs

forestiers exotiques dans les aires boisées à proximité de points d'entrée au Canada

E. Tremblay¹, J.A. Bérubé² et G.J. Bilodeau¹. ¹Laboratoire de recherche sur l'identification des agents pathogène, Agence canadienne d'inspection des aliments, Ottawa (Ontario), Canada K2H 8P9; ²Centre de foresterie des Laurentides, Ressources naturelles Canada, Québec (Québec), Canada G1V 4C7

Le commerce international favorise la propagation d'agents phytopathogènes exotiques (champignons, oomycètes) pouvant agir comme points d'entrée. Leurs spores, qui se répandent par le vent, par la pluie et par l'entremise de vecteurs (insectes), peuvent provoquer l'introduction de maladies exotiques responsables de la dévastation de diverses espèces végétales. Leur nature cryptique en complexifie l'identification, car ils se répandent à une vitesse marquée. Comme il est difficile de les piéger et de mener des enquêtes pour ces organismes, les nouvelles technologies telles que la qPCR et la métagénomique utilisant le SNG permettent donc de les détecter rapidement sans avoir à les cultiver. L'ADN pour la métagénomique a été extrait de filtres de pièges à spores ainsi que des liquides de conservation de pièges à insectes récoltés en 2013-2014 et a ensuite été séquencé avec la plate-forme Ion Torrent pour trois régions multiplexées et une par pyroséquence. Des analyses bioinformatiques ont aussi été réalisées et comparées aux essais qPCR pour plusieurs cibles (n=19). Les résultats préliminaires ont permis l'analyse de millions de séquences. La comparaison du SNG au qPCR concorde pour la détection d'espèces de *Phytophthora* et a permis de trouver plusieurs espèces apparentées aux cibles. Ce projet permettra d'identifier des zones qui sont actuellement à risque pour ces espèces.

Le nématode *Pratylenchus alleni* : sa détection par technique moléculaire et son potentiel de virulence

M. Vandal¹, N. Dauphinais¹, G. Bélair¹, J. Brodeur² et B. Mimee¹. ¹Centre de recherche et développement en horticulture, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Saint-Jean-sur-Richelieu (Québec), Canada J3B 3E6; ²Institut de recherche en biologie végétale, Département de sciences biologiques, Université de Montréal, Montréal (Québec), Canada H1X 2B2

Au Canada, les pertes de rendement attribuées aux nématodes sont généralement associées aux nématodes des lésions (*Pratylenchus* spp.). Ces endoparasites causent de sérieux dommages sur de nombreuses cultures d'importance économique, incluant la plupart des grandes cultures et des cultures maraîchères. Au Canada, l'espèce *P. penetrans* est prédominante dans les sols agricoles de l'est, alors que *P. neglectus* domine dans l'ouest. En 2011, la découverte, dans un champ de soya du Québec, d'une nouvelle espèce exotique au Canada et qualifiée de rare dans le Nord-Est américain, soit *P. alleni*, a soulevé de nouvelles inquiétudes. Afin de déterminer si cette espèce représente une menace pour les productions agricoles du Québec, un projet de recherche

visé 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