Livret de résumés

Abstract Booklet

Table des matières | *Table of Content*

Résumés de présentations par affiches | *Poster Presentation Abstracts*……..……p.2

Résumée de présentations orales | *Oral Presentation Abstracts*……...p.29

Session A : Agriculture durable, pratiques culturales et adaptation des plantes | *Session A: Sustainable Agriculture, Cropping Practices and Plant Adaptation*……..……...p.29

Session B : Santé des plantes, microbiomes et protection intégrée | *Session B: Plant Health, Microbiomes and Integrated Protection*……..……...p.33

Session C : Génomique fonctionnelle, métabolisme et biologie moléculaire des plantes | *Session C: Functional Genomics, Metabolism and Plant Molecular* ***Biology***……...p.37

Centre SÈVE

RECHERCHE EN SCIENCES DU VÉGÉTAL

Journées Centre SÈVE 2025

Réunion annuelle du Centre SÈVE

Annual Meeting of the Centre SÈVE

20-21 Novembre 2025 Hôtel Chéribourg, Orford

Présentations par affiches

1 - Investigation de la cycloaddition azoture-alcyne pour préparer des 4-vinyl-1,2,3-triazoles fonctionnalisés

David Therrien[1], Simon Ricard[1]

[1]Université du Québec à Trois-Rivières

Dans le cadre de ce projet, nous proposons d'utiliser la cycloaddition azoture-alcyne, une réaction Click, pour la construction de 4-vinyl-1,2,3-triazoles fonctionnalisés à partir de vinyl-alcynes. Dans un premier temps, nous allons investiguer cette cycloaddition avec divers modèles et sous différentes conditions pour bien comprendre sa régiosélectivité et ses limitations. Dans un second temps, nous allons soumettre certains de nos 4-vinyl-1,2,3-triazoles à différentes transformations chimiques pour démontrer leur polyvalence en synthèse. Ce projet constitue le lancement d'une recherche sur la construction du squelette tricyclique des sesquiterpénoïdes de type illudane (p.ex. la ptaquilosine ainsi que les illudines A et B).

La ptaquilosine et les illudines ont été isolés de plantes ou de champignons, ce qui a permis de démontrer leurs propriétés antitumorales et cancérogènes. L'homme peut être exposé directement à la ptaquiloside (forme de la ptaquilosine possédant une unité glucose) due à sa présence dans les fougères via la consommation de la plante, d'eau contaminée ou du lait du bétail ayant lui-même consommé la plante. Il est donc primordial de développer une synthèse efficace pour deux raisons majeures : d'une part, le besoin de standards analytiques pour son dosage, et d'autre part, l'étude de son danger potentiel pour l'humain, encore peu connu.

2 - Évaluation de produits biologiques à base de Bacillus spp. sur la répression de Pythium aphanidermatum sur plants de concombres en serre

Jean-Philippe Beaulieu[1], Patricia Denis[1], Richard Bélanger[1]

[1]Université Laval

Les conditions environnementales en serre favorisent le développement de maladies fongiques. Environ 30 à 50 % des pertes agricoles peuvent être causées par des agents pathogènes racinaires tels que *Pythium* spp[1]. Pour réprimer ce dernier, quatre fongicides de synthèse sont homologués au Canada pour les cultures légumières en serre[2]. Toutefois, des cas de résistance au métalaxyl et au chlorhydrate de propamocarbe ont été documentés avec *Pythium* spp[3]. Le manque d'alternatives renforce ainsi l'intérêt pour la lutte biologique.

Ce projet vise d'abord à développer un outil de détection moléculaire capable d'identifier différentes espèces de *Pythium* spp. en serre - une étape essentielle pour poser un diagnostic précis et choisir un traitement adéquat. Bien que le MAPAQ possède déjà ce genre d'outil pour certaines espèces de plein champ[4], l'objectif est d'élargir son application à d'autres espèces rencontrées en environnement serricole. Ensuite, de nouveaux produits biologiques à base de bactéries seront évalués pour leur répression de *P. aphanidermatum*, ainsi pour leurs effets biostimulants sur le concombre de serre. Enfin, la rémanence des bactéries sera mesurée pour déterminer leur persistance dans le temps. Ainsi, ce projet sera d'une grande d'utilité pour la production biologique dans les conditions québécoises actuelles.

3 - Cherylline, un alcaloïde rare des Amaryllidacées : la chimie au service de la nature

Marcia RÉGIS[1, 2, 3, 4], Natacha Mérindol[1, 2], Simon Ricard[1, 2], Isabel Desgagné-Penix[1, 2, 3, 4]

[1]Département de chimie, biochimie, physique et sciences forensique de l'université de Québec à Trois-Rivières, [2]Groupe de recherche en biologie végétale, [3]Chaire de recherche en biologie végétale, [4]Conseil de recherche en sciences naturelles et génie du Canada

Les virus à ARN, tels que les flavivirus et les coronavirus, représentent une menace persistante pour la santé mondiale. Face à ce défi, les plantes offrent une source précieuse de molécules bioactives. Parmi elles, les alcaloïdes de la famille des Amaryllidacées, comme la cherylline, se distinguent par leur potentiel antiviral prometteur. Cependant, sa disponibilité naturelle extrêmement réduite limite considérablement son exploitation et l'étude approfondie de son mécanisme d'action. Afin de surmonter cette contrainte, notre projet se base sur une approche à plusieurs volets. Premièrement, il s'agira d'optimiser une voie de synthèse chimique de la cherylline. Cette méthode, une alternative à l'extraction végétale, se déroule en trois étapes : la préparation des précurseurs, l'assemblage par couplage de Heck, et la cyclisation finale. Les premières étapes de cette synthèse chimique, incluant la préparation des précurseurs pour l'obtention des intermédiaires par bromation du 2-méthoxyphénol et par protection des groupes hydroxyles ont été complétées telles que validées par résonance magnétique nucléaire du proton et du carbone. Ces avancées constituent une base essentielle pour les prochaines phases du projet, qui permettront de caractériser les cibles moléculaires et d'évaluer le potentiel de la cherylline comme modèle pour le développement de nouvelles solutions antivirales d'origine végétale.

4 - Phaeodactylum tricornutum : plateforme biotechnologique de production de métabolites spécialisés azotés

Alexandre Custeau[1], Natacha Mérindol[1], Fatima Awwad[1], Isabel Desgagné-Penix[1]

[1]Université du Québec à Trois-Rivières

L'industrie de production de métabolites spécialisés repose sur l'extraction des plantes productrices et de la synthèse chimique. Ces deux méthodes représentent un impact négatif sur l'environnement, notamment par l'utilisation de composés chimiques combiné à une grande nécessité d'énergie. L'utilisation de microoragnismes comme usine de production de composés d'intérêts se veut une alternative plus environnementale, qui est déjà utilisé dans plusieurs secteurs. La diatomée *Phaeodactylum tricornutum* a déjà démontrée, à plusieurs reprises, qu'elle se veut être un microorganisme permettant la production de composés d'intérêts. En combiant la microalgue avec des outils biotechnologiques, il y aurait possibilité d'aller une étape plus loin dans le processus. En effet, les métabolites spécialisés azotés sont d'une importance capitale dans les traitements de la santé mentale et leur production dépend majoritairement des deux processus mentionnés ci-haut. Avec la montée continue de la population (et alors des diagnostiques), il faut impérativement se tourner vers une autre approche de production. Concrètement, mon projet vise à produire un métabolite spécialisé azoté d'intérêt dans le domaine de la santé en combinant la microalgue à un système d'expression inductible.

5 - Exploration du rôle des enzymes de type « berberine bridge » de l'Amaryllidaceae Crinum × powellii

Viviane Merveille Bakam[1], Natacha Mérindol[1], Karen Cristine Gonçalves dos Santos[1], Hugo Germain[1, 2], Isabel Desgagné-Penix[1, 2]

[1]Département de Chimie, Biochimie et Physique, Université du Québec à Trois-Rivières, QC, Canada, [2]Groupe de Recherche en Biologie Végétale, Université du Québec à Trois-Rivières, Trois Rivières, QC, Canada

Les enzymes de type berberine bridge (BBE) jouent un rôle clé dans la protection contre les stress biotiques et abiotiques et catalysent des réactions dans la biosynthèse de métabolites spécialisés d'intérêt pharmaceutique notamment des oxydations cycliques et non-cycliques de liaisons C-C ou C-hétéroatome dans de nombreuses plantes médicinales. Chez les Amaryllidaceae, la voie de biosynthèse de la cherylline, alcaloïde à activité antivirale importante, n'a pas été élucidée. Ce projet explore le rôle potentiel des BBE chez *Crinum* × *powellii* dans la biosynthèse de la cherylline et la réponse aux stress. Une analyse bioinformatique a identifié 45 séquences BBE candidats de 16 espèces d'Amaryllidaceae, filtrées de 1 500 séquences de 29 espèces. Trois candidats de *C.* × *powellii* (Cp6326, Cp7547, Cp14896) ont été retenus, conservant les résidus catalytiques clés et homologues structurels des BBE de Papaveraceae et Brassicaceae. Les approches transcriptomiques et métabolomiques révèlent que leur expression coïncide avec l'accumulation d'alcaloïdes, de composés phénoliques et de précurseurs dans différents tissus, suggérant une implication dans la biosynthèse et la réponse au stress. Ces résultats préliminaires ouvrent la voie à des applications biotechnologiques pour la production de composés pharmaceutiques.

6 - Neutralizing acidic mine tailings for sustainable ryegrass growth

Raghad Soufan[1], Antoine Karam[1], Ahmed Aajjane[1]

[1]Laval University

Mots clés: Phytoremédiation, calcium, magnésium, neutralisation, raygrass.

The phytovalorization of abandoned, highly acidic mine lands, through alkaline amendments and the production of high value-added plant biomass, represents an integrated strategy within sustainable development and circular economy. A greenhouse trial evaluated Portland cement (PC) and magnesium oxide (MgO) effects on substrate pH stabilization at levels suitable for ryegrass (*Lolium multiflorum* L.) growth. Mine tailings were collected from the containment areas of the former East Sullivan mine at Val-d'Or (Quebec). Treatments were applied in triplicate: (1) an unamended control (average pH 3.0); (2) PC at 2, 4, 6, and 8%; and (3) PC combined with MgO at 1 or 2% across the same PC rates. The high acidity of unamended tailings inhibited ryegrass growth. Analysis of variance (ANOVA) revealed significant effects ($p \leq 0.001$) of PC + MgO application rates on substrate pH and ryegrass shoot dry matter yield (DMY). Overall, 6% PC + 2% MgO resulted in the highest DMY, and DMY was positively correlated with substrate pH ($p \leq 0.001$). The mixture of PC with MgO enhances the neutralization capacity of acidic mine tailings while supplying sufficient calcium and magnesium to support ryegrass growth and maintaining a pH favorable to plant development.

7 - AmarylOmicBase: An integrated transcriptome database for comparative analysis of Amaryllidoideae species

Karen Cristine Goncalves dos Santos[1], Natacha Merindol[1], Isabel Desgané-Penix[1]

[1]Université du Québec à Trois-Rivières

The Amaryllidoideae subfamily produces unique alkaloids with potent anti-cholinesterase, anti-viral, and antitumor activities, making this subfamily a rich source of pharmaceutical leads. Despite the absence of reference genomes for any Amaryllidoideae species, many enzyme characterization and pathway reconstruction efforts to date started with transcriptome mining. To facilitate new studies in this subfamily, we combined the transcriptomic datasets from 39 studies, covering 29 species across 13 genera of Amaryllidoideae, into a single standardized database of transcriptome assemblies, annotations and expression profiles. The ***AmarylOmicBase*** database includes published and *de novo* assemblies from published raw data, carried out with Trinity or IsoSeq. Expression quantification was analyzed with the pseudomapper kallisto and annotation was done with the Trinotate pipeline. The resulting platform provides ready-to-use datasets and reproducible analysis scripts, enabling researchers to identify candidate genes involved in different pathways, such as alkaloid biosynthesis, jumpstart transcriptomic studies in new species, and conduct large-scale comparative analyses. By lowering computational barriers, this database will accelerate discovery of the enzymes and regulatory networks driving Amaryllidoideae alkaloid diversity and support broader investigations of plant specialized metabolism.

8 - Identification de gènes d'avirulence candidats chez l'agent pathogène fongique Golovinomyces ambrosiae, responsable de la maladie du blanc en culture de cannabis

Félix-Antoine Roy[1], Richard Bélanger[1]

[1]Université laval

La maladie du blanc chez le cannabis, causée majoritairement par l'agent pathogène fongique *Golovinomyces ambrosiae*, est l'une des plus grandes menaces à l'innocuité des récoltes pour les producteurs autorisés. Pour d'autres cultures d'intérêt commercial, la lutte par des approches génétiques, basée sur l'exploitation de gènes de résistance (NLR), s'avère être la méthode la plus optimale pour réprimer la maladie. Celle-ci se base sur un principe gène pour gène, où un NLR déclenchera des mécanismes de défense puissants uniquement par reconnaissance d'un gène d'avirulence (*Avr*) spécifique à l'agent pathogène lors du processus d'infection. Malgré la découverte récente de deux gènes de résistance chez Cannabis sativa, l'absence complète d'information génétique concernant l'agent pathogène fait obstacle à la validation de leur efficacité. Ce projet vise spécifiquement à pallier cette problématique par la réalisation du tout premier assemblage de génome de *G. ambrosiae*. Grâce à divers outils bio-informatiques et la mise en place d'analyses transcriptomiques, des gènes d'avirulence candidats pourront ensuite être identifiés. Ces travaux sont d'une importance majeure pour la compréhension des interactions moléculaires NLR-*Avr*, permettant ainsi le déploiement éclairé de lignées de cannabis résistantes au blanc en fonction des différents contextes pathologiques auxquels font face les producteurs autorisés.

9 - Root System Strategies of Picea mariana and Larix laricina for the Revegetation of Acid Mine Drainage Sites in Quebec

Bérince Hounsouvo[1], Antoine Karam[2], Mohammed Lamhamedi[3], Damase Khasa[1]

[1]Institut de Biologie Integrative et des Systemes, Universite Laval, Québec, QC, Canada, G1V 0A6, [2]Department of Soil and Agri-Food Engineering, Université Laval, Québec, QC, Canada, G1V 0A6, [3]Ministère des Forêts, de la faune e des Parcs, Québec, QC, Canada

In Quebec, the revegetation of technosols on mine sites generating acid mine drainage (AMD) is a key component of long-term reclamation strategies. One of the primary criteria for selecting plant species for revegetating these sites is the presence of a lateral root system, which helps maintain the integrity of capping systems designed to prevent AMD. However, selected plant species must fulfill a range of ecological functions such as promoting symbiotic relationships with mycorrhizal fungi, which are essential for ecosystem restoration. This study aims to evaluate the effects of species and provenance on root system strategies in black spruce and tamarack using the root economic space (RES) framework. Root systems of four black spruce provenances (PGP, PTR, PLU, and WAT) and two tamarack provenances (118 and 038) were analyzed and projected into the RES using R software. Overall, tamarack exhibited a strongly collaborative strategy with ectomycorrhizal fungi (greater root diameter), whereas black spruce showed a more conservative strategy (greater root tissue density). These strategies significantly varied among provenances. Interestingly, PGP and PTR black spruce provenances did not differ significantly from tamarack provenances along the collaborative gradient. These findings provide insights into functional root traits relevant to technosol restoration.

10 - Genetic control of glandular trichome development in Cannabis sativa L.

JUAN ROMERO BETANCOURT[1], Hugo Germain[2], Felipe Sarmiento Salazar[2]

[1]student, [2]Professor

The glandular trichomes of Cannabis sativa L. are plant biofactories responsible for synthesizing secondary metabolites, including terpenophenolic molecules known as cannabinoids. These structures develop from the epidermis of the female flower, but the precise molecular developmental program underlining their early development remains poorly understood. A thorough understanding of gene control networks underlying trichome morphogenesis could enable modulation of trichome density and therefore cannabinoid accumulation; which is a matter of interest for cannabis producers. The objective of this study is to identify genes associated with the formation and density of PGT in cannabis using a omics based approach relying on morphological, genotypic (3D GBS) and transcriptomic characterization of the female flowers and sugar leafs. Additionally, we propose to evaluate the interaction between transcription factors and promoter sequences of genes associated with PGT density using a collection of genotypes depicting a strong gradient of glandular trichome density, female bract size and shape, within a THC dominant dataset. Our preliminary results confirm the positive correlation between cannabinoid accumulation and trichome density.

11 - Spotlight on an Arctic Superstar: Hirnaq (Qunguliit, Oxyria digyna)

Élizabeth Laroche[1], Sonia Wesche[2], Annie Bregard[1], Thi Thuy An Nguyen[1], Chantal Langlois[3], Martine Dorais[1]

[1]Université Laval, [2]Université Ottawa, [3]Gouvernement du Nunavut, Département de la Santé

This study, part of a participatory research project on food sovereignty in the Kitikmeot region (Nunavut), aimed to advance and document Kitikmiut knowledge on cultivating and propagating tundra plants. Working with the community of Iqaluktuuttiaq, we used a mixed methods approach, where local knowledge informed the development and implementation of research experiments. While past studies examined growth chamber trials of Hirnaq (Qunguliit, *Oxyria digyna*), there is limited information on its nutrient requirements. In 2025, we conducted two greenhouse trials testing nitrogen fertilizer concentrations. Seeds from Long Point Creek were were grown under nine fertilizer treatments in a randomized complete block design for six weeks (180 plants). Growth was monitored biweekly to evaluate responses to nitrogen and identify an optimal concentration. Soil nitrate and ammonium were additionnally quantified at transplantation and harvest. In trial 1, plant biomass exhibited an approximately linear increase with fertilizer concentrations ranging from 50 to 200 ppm, suggesting nitrogen requirements exceeded the highest concentration tested. Data analysis from trial 2, which tested concentrations between 200 and 700 ppm, is in process. These findings provide insights into nitrogen requirements of Hirnaq and are valuable both for ongoing research and for Kitikmiut interested in cultivating tundra plants.

12 - 3D Chromatin Architecture and Stress-Responsive Gene Regulation in Rice: From Evolution to Prediction

John GITAU[1], Zoé Joly-Lopez[1], Vladimir Reinharz[1]

[1]Université du Québec à Montréal

Background

The spatial organization of chromatin within the nucleus plays a crucial role in gene regulation and stress responses in eukaryotes. However, in plants, our understanding of how 3D chromatin architecture is remodeled upon exposure to environmental stress remains limited. In this study, we aim to investigate the structural dynamics of chromatin in rice (*Oryza sativa*) under drought conditions.

Methods

Using Hi-C technology, a chromosome conformation capture method, we will determine the physical DNA-DNA interactions across the entire genome of rice plants grown under standard and drought conditions.

To understand the evolutionary significance of chromatin architecture, we will examine synteny regions, chromosomal segments that maintain similar gene order across species, to quantify how TAD structures are maintained or modified through evolution in poaceae genomes.

Additionally, we will design a custom integrative workflow that combines 3D chromatin data with functional genomic datasets in rice. This workflow will allow us to predict drought-responsive regulatory interactions overlapping with noncoding regulatory elements and stress-responsive genes, key regions associated with gene regulation.

Conclusion

This study will generate a comprehensive atlas of drought-induced 3D genome organization in rice, establishing the foundation for understanding how nuclear architecture remodels under stress and how such structural changes influence gene expression.

13 - Dynamique des structures d'ARN en réponse au stress de haute température

Amélie Allard[1], Tagnon Missihoun[2], Zoé Joly-Lopez[1]

[1]Département de chimie, Université du Québec à Montréal, [2]Département de chimie, biochimie et physique, Université du Québec à Trois-Rivières

Les changements climatiques exposent les plantes à des conditions de croissance extrêmes, les obligeant à mobiliser divers mécanismes pour s'adapter. La régulation génique en *cis* - assurée par des éléments situés directement sur la séquence qu'ils régulent - est bien documentée au niveau de l'ADN, mais demeure moins explorée pour l'ARN. Cette régulation *cis* post-transcriptionnelle implique notamment des structures secondaires d'ARN capables de moduler l'efficacité de leur traduction. **Malgré de multiples prédictions, la validation expérimentale de ces structures demeure limitée, particulièrement *in vivo*.**

Ce projet vise à étudier l'effet du stress de haute température (HT) sur la dynamique des structures d'ARN et leur rôle dans la régulation post-transcriptionnelle de l'expression génique, avec le riz (*Oryza sativa*) comme modèle. Pour détecter les structures d'ARN (Sous-objectif 1), nous optimisons présentement la méthode SHAPE-MaP (*Selective 2'-hydroxyl acylation analyzed by primer extension and mutational profiling*) couplée au séquençage Nanopore. L'efficacité de la traduction en lien avec les structures détectées (Sous-objectif 2) sera déterminée par profilage de ribosomes et le protéome sera examiné par protéomique quantitative (Sous-objectif 3).

Ultimement, ce projet contribuera à mieux comprendre la régulation post-transcriptionnelle face au stress HT, un enjeu majeur pour l'adaptation des cultures à un climat en constante évolution.

14 - Microbial nitrogen cycling drives long-term N2O emission in soil with surplus nitrogen fertilizer application

Jun Zou[1], Joann Whalen[2], Xiaogang Yin[1]

[1]College of Agronomy and Biotechnology, China Agricultural University, [2]Department of Natural Resource Sciences, McGill University

More than 50% of global anthropogenic nitrous oxide (N_2O) emissions come from agricultural soils, but the quantity of N_2O produced in chronically over-fertilized soils may exceed the rate estimated by current IPCC Tier 1 emission factors. Our 14-year field experiment demonstrated that the nitrogen (N) fertilizer application rate and duration of fertilization interacted to influence the N_2O emissions. Cumulative N surplus was the strongest predictor of total N_2O emissions (R^2=0.97), surpassing the annual N fertilizer metrics. Through combined ^{15}N isotope tracing, acetylene inhibition, and molecular analyses, we found that 14 yrs of chronic N over-fertilization: (1) enhanced N cycling efficiency by increasing gross nitrification and denitrification rates by >90%; (2) shifted the dominant N_2O production pathway from nitrification to denitrification; and (3) altered microbial potential for N cycling, with more N_2O-producing genes (*narG* 10%, *norB* 33% and *nirK* 30%) and a smaller *nosZ* populations (7% decline). The cumulative N surplus is a superior metric for estimating N_2O emissions from agricultural soil. Furthermore, chronic N fertilization may reprogram the soil N cycle in a way that favors greater long-term N_2O emissions.

15 - Global Sustainability Tradeoffs of Agricultural Plastic Mulch Film

Haihe Gao[1], Joann K. Whalen[2], Changrong Yan[1], Qin Liu[1]

[1]Institute of Environment and Sustainable Development in Agriculture, Chinese Academy of Agricultural Sciences, [2]Department of Natural Resource Sciences, McGill University

Agricultural plastic mulch film enhances crop productivity by improving soil water balance, controlling soil temperature, weeds and other environmental factors. However, global use of plastics in agriculture has left a huge quantity of waste plastic residues in agricultural soils, which negatively impacts crop production and stimulates GHG emissions. The tradeoffs between the positive and negative attributes of plastic mulch film need a systematic investigation for global sustainability analysis. Here, we synthesize 22,778 pairs of global observations comparing plastic films, residual macro-and/or microplastics, and non-plastic cropping systems. Although plastic mulch films increased crop yield (31%) and water productivity (38%), it also increased global warming potential by 18%. The accumulation of waste plastic residuals in the form of macroplastics or microplastics in soil negatively impacted crop yield (10% and 11%), water productivity (11% and 9%), and further increased global warming potential (2% and 24%). We developed a spatially-explicit evaluation model to quantify and map the suitability index of plastic mulch film according to the climate, soil and cropping system. This study provides a scientific basis for the rational and sustainable application of plastic mulch film technology in agriculture.

16 - Calcium Lignosulfonate, an effective liming amendment for acidic purple soils in southwest China

Debo He[1], Joann Whalen[1], Bo Zhu[2]

[1]McGill university, [2]Institute of Mountain Hazards and Environment, Chinese Academy of Sciences

Soil acidification, driven by phytotoxic exchangeable Al^{3+}, severely limits soil fertility and crop productivity. When traditional lime amendments like $CaCO_3$ are expensive and cannot be locally sourced, alternative lime amendments should be considered. Here, we demonstrate that calcium lignosulfonate, an industrial by-product rich in reactive $-SO_3^-$ and -OH groups, is a highly effective amendment for acidic purple soils (Regosols). Adding 2‰ calcium lignosulfonate (by weight) increased soil pH from 4.4 to 7.2 within 50 days, also reducing exchangeable Al^{3+} by up to 70%, and increasing soil organic carbon by 26% and acid-buffering capacity by up to 54% compared to the unlimed controls. These changes translated into significant crop benefits, with Chinese cabbage (*Brassica rapa* subsp. *Chinensis*) biomass rising by 65-156% relative to its growth in unlimed soil. Molecular modeling revealed that calcium lignosulfonate functional groups enable strong competitive adsorption of Al^{3+} over Ca^{2+}, lowering the $\Delta E_{HOMO-LUMO}$ by ~3.12 kcal mol^{-1} and precipitating Al-sulfonate complexes. Calcium lignosulfonate restructured beneficial microbial communities, enriching Acidobacteriota and Trichoderma, while suppressing Fusarium. Collectively, these physicochemical, biochemical, and microbial improvements indicate that calcium lignosulfonate is a cost-effective and sustainable liming amendment that removes free Al^{3+} and enhances fertility of acidic purple soil.

17 - Optimisation de la pulvérisation d'œufs hôtes parasités par les trichogrammes pour la lutte biologique contre la pyrale dans la culture du maïs sucré

Ariane Dionne[1], Mohamed Khelifi[1]

[1]Université Laval

Pour réduire l'utilisation des pesticides, les trichogrammes permettent un biocontrôle efficace de la pyrale du maïs, *Ostrinia nubilalis* (Lepidoptera : Crambidae). Cependant, leur utilisation à grande échelle est entravée par l'introduction manuelle. Pour remédier à ce problème, ce travail avait pour objectif principal d'optimiser la pulvérisation d'œufs hôtes parasités par les trichogrammes dans la culture du maïs sucré. Ainsi, un système à injection a été mis à l'épreuve au champ en comparant la pulvérisation de *T. ostriniae* sous le feuillage (800 000 guêpes/ha) à un traitement témoin ainsi que la pulvérisation en bande (6 m) de *T. ostriniae* et de *T. pretiosum* sous le feuillage (800 000 guêpes/ha) à l'introduction manuelle (400 000 guêpes/ha). Avec une efficacité d'émergence de 77%, le parasitisme a été amélioré jusqu'à neuf jours après le lâcher (pulvérisation : 18,54 ± 4,35% vs témoin : Ø). De plus, un biocontrôle adéquat de la pyrale du maïs a été obtenu et les dommages observés à la récolte ont plutôt été causés par le ver de l'épis du maïs (pulvérisation 6,67 ± 4,32% vs manuelle 14,67 ± 1,63%). Cette méthode mécanisée économiquement avantageuse (pulvérisation : 117,29 $/ha contre manuelle : 180,26 $/ha) favorisera, sans aucun doute, l'utilisation des trichogrammes à grande échelle.

18 - How does auxin shape compound leaf geometry

Alexis De Carufel[1]

[1]Université de Montréal - Institut de recherche en biologie végétale

Leaves have high importance in plants, as they are their main photosynthetic organs. They have evolved in two main categories: simple leaves, formed by a single leaf blade attached to a petiole, and compound leaves, formed by multiple leaflets attached to a petiole. Many crops possess compound leaves, including tomato (*Solanum lycopersicum*). The compound leaves' characteristics are established during the primary morphogenesis, by a strong regulation of the patterning of the cells at the leaf margin, where leaflets are initiated. The hormone auxin is known to be required for leaflet initiation. However, we do not fully understand its precise effects on cell geometry at the leaf margin during growth and how exactly it impacts leaf unfolding.

Using confocal microscopy and live-imaging, we aim to quantify the development of the tomato leaves at the scale of cellular dynamics. We also aim to characterise the precise roles of auxin during leaf development and unfolding. Preliminary results indicate that disturbing auxin distribution changes the dynamics of leaf unfolding. Understanding the cellular mechanisms underlying leaf characteristics acquisition is critical for agriculture since it directly affects the photosynthetic yield. It will serve as a target to optimise photosynthetic and crop yield.

19 - Computational Design of Novel Peptides for Pest Control

Ricardo Salas Roldan-Filho[1, 2], Madson Allan Luna-Aragão[3], Arnold William Tazon[1], Natacha Mérindol[1], Isabel Desgagné-Penix[1], Ana Maria Benko-Iseppon[2]

[1]Université du Québec à Trois-Rivières, [2]Universidade Federal de Pernambuco, [3]Universidade Federal de Minas Gerais

Artificial intelligence has shown great potential for protein design in health, but its application in agronomy remains nascent. In Canada, crops like corn and potatoes are threatened by pests such as the fall armyworm (*Spodoptera frugiperda*) and the Colorado potato beetle (*Leptinotarsa decemlineata*). This preliminary research aimed to use a target-based *de novo* design approach to create novel peptide inhibitors targeting the α-amylases of these pests. For this purpose, enzyme sequences retrieved from NCBI were modeled using AlphaFold 3. A computational pipeline involving RFdiffusion and ProteinMPNN was then used to generate the backbone and amino acid sequences of peptide binders. After punctual modifications, the peptide candidates were docked to their protein targets using ClusPro 2.0 to evaluate their binding. This study generated two potential inhibitors, AASLi3 and AASLi4, against the α-amylases of *S. frugiperda* and *L. decemlineata*. They possess favorable free-energy scores in the enzyme's active site (-920.9 to -743.3 and -738.1 to -678.3, respectively). Further molecular dynamics simulations will be conducted to evaluate complex stability. Moreover, they will be heterologous expressed in *Chlamydomonas reinhardtii* for *in vitro* and *in vivo* assays. This work highlights the potential of computational approaches to provide fast and precise sustainable bioproducts for crop protection.

20 - Investigating how clubroot effectors manipulate plant development and immunity

Marcos Calcaterra[1, 2, 3, 4], Marina Silvestre Vaño[5], Alyson Deslongchamps[1, 2, 3, 4], Elisa Fantino[1, 2, 3, 4], Ian Major[6], Edel Pérez Lopez[1, 2, 3, 4]

[1]1. Département de Phytologie, Faculté des sciences de l'agriculture et de l'alimentation, Université Laval, [2]2. Centre de recherche et d'innovation sur les végétaux, Université Laval, [3]3. Institut de biologie intégrative et des systèmes, Université Laval, [4]4. Centre de recherche interinstitutionnel en sciences du végétal, [5]5. Gregor Mendel Institute of Molecular Plant Biology, Viena, Austria, [6]6. Centre de foresterie de Laurentides

Plasmodiophora brassicae, the causal agent of clubroot, is an obligate biotroph that induces root galls in canola and other cruciferous crops, causing major economic losses in Canada and worldwide. Despite its impact, this pathogen remains understudied, and the roles of its secreted effectors in disease progression and host colonization are poorly understood. This project uses multiple approaches to characterize five *P. brassicae* effectors selected based on their expression patterns and mechanisms previously reported by our group. Three are predicted kinases and two are predicted methyltransferases. All five have been cloned and overexpressed in *Arabidopsis* to assess whether their expression induces morphological changes or alters defense and disease outcomes. The effectors have also been expressed heterologously in *E. coli* to assay *in vitro* activity, building on our prior identification of a pseudokinase that modulates host development and stress responses and the identification of a methyltransferase effector key for disease progress. We will apply phosphoproteomics to compare transgenic lines with Col-0 plants and map associated signaling changes. Finally, subcellular localization will be examined by transient expression in *Nicotiana benthamiana* via *Agrobacterium*-mediated transformation. Together, these complementary approaches will provide new insight into how *P. brassicae* effectors manipulate host defenses to promote disease.

21 - Induction of an aqueous apoplastic niche by Pseudomonas syringae inhibits plant immunity

Sabrina Gauthier[1], Faye Gaudreault-Lafleur[1], Alexis Roy[1], Charles Roussin-Léveillée[2], Peter Moffett[1]

[1]Centre Sève, Département de Biologie, Université de Sherbrooke, Sherbrooke, Québec, Canada, [2]Département de biologie moléculaire végétale, Université de Lausanne, Lausanne, Suisse

Effector-driven establishment of extracellular niche (EDEN) by pathogens in host plants is critical to a successful infection. Bacterial pathogens, such as *Pseudomonas syringae pv. tomato* DC3000, exploit this niche to colonize and proliferate within plant tissues by manipulating plant physiological processes to enrich the apoplast in water and nutritive metabolites. High atmospheric humidity levels provide ideal conditions for the formation of water-soaking lesions and thus, the creation of this favorable niche. In this context, we investigated the influence of apoplastic water levels on pathogen growth. We observed that maintaining an artificially flooded apoplast during infection enhances growth of both wild-type and effector mutant strains of *Pst* DC3000. Additionally, we observed that eliciting an ETI response induce the desiccation of plant tissues leading to microbial stasis. We also found that hydrating the apoplastic environment breaks microbial stasis induced by ETI. In parallel, artificial flooding prior to infection triggers plant immunity at levels comparable to flg22-induced protection, thereby reducing pathogenicity. These observations suggest that in addition to creating a favorable growth environment, pathogens induce an aqueous extracellular environment to suppress plant defenses. At the same time, we suggest that plants react to extracellular water in a manner similar to a DAMP/PAMP response.

22 - dsRNA-INDUCED EXECUTION OF VIRAL RNA (RNA-DIE) RESTRICTS PLANT VIRUSES INDEPENDENT OF RNA SILENCING

Mariia Synytsia[1], Varusha Pillay Veerapen[1], Peter Moffett[1]

[1]Université de Sherbrooke

Plants face viral threats, with RNA silencing being a key defense mechanism. Dicer-like (DCL) proteins recognize and cleave viral double-stranded RNA (dsRNA). However, viral suppressors can limit RNA silencing's effectiveness. We suggest that plants may also utilize an additional defense mechanism, RNA-induced execution of viral RNA (RNA-DIE), where dsRNA accumulation triggers a silencing-independent response that limits viral infection, although the exact inhibitory mechanism is still under investigation. To explore this, we created a system in Arabidopsis to induce dsRNA accumulation using RNA hairpin GFP (hpGFP) constructs controlled by a dexamethasone (DEX)-inducible promoter, in both wild-type and DCL-deficient plants. This system allows us to study the effects of dsRNA accumulation and investigate the potential role of stress-responsive kinases, such as General Control Nonderepressible 2 (GCN2), in regulating this response, alongside other possible mechanisms.

23 - Évaluation des approches de séquençage pour la caractérisation du microbiome du sol en agriculture

Daphnée Sabourin[1,2], Philippe Constant[2], Hervé Van Der Heyden[1]

[1]Agriculture et Agroalimentaire Canada, [2]Institut national de la recherche scientifique

La caractérisation des profils taxonomiques et fonctionnels du microbiome du sol repose sur le métacodage à barre et la métagénomique globale. Si la plateforme de séquençage Illumina est actuellement la plus utilisée, sa résolution taxonomique est limitée par la courte taille des fragments d'ADN séquencés. La plateforme d'Oxford Nanopore Technologies (ONT), en revanche, permet le séquençage de fragments plus longs et offrent ainsi un potentiel d'assignation taxonomique éprouvé. Cependant, les comparaisons entre ces technologies restent rares et souvent limitées aux communautés artificielles. Nous estimons que la plateforme ONT permet une meilleure résolution taxonomique et une caractérisation fonctionnelle plus représentative des communautés microbiennes des sols agricoles. Cette étude vise à comparer formellement les plateformes Illumina et ONT pour la caractérisation taxonomique du microbiome des sols agricoles en exploitant des échantillons archivés combinés de métadonnées environnementales, telles que la santé des sols perçue par les agriculteurs. L'objectif est d'établir la valeur ajoutée de ONT en conditions réelles. Le lien entre les données génomiques et les variables environnementales sera exploré afin d'identifier des marqueurs microbiens pertinents pour l'agriculture. Cette analyse permettra d'évaluer les avantages et limites des différentes approches et de favoriser l'intégration des outils de séquençage dans les études agroécologiques.

24 - Exploring the Efficacy of LED Light Spectra in Repressing Fungal Pathogen Botrytis cinerea Pers. in vitro

DIMAN TAHER[1]

[1]Mcgill university

Botrytis cinerea Pers., a ubiquitous necrotrophic pathogen, is the primary cause of grey mould in numerous economically important crops, including tomato. Light-emitting diode (LED) has emerged as a promising supplemental light source in greenhouse horticulture, influencing not only crop physiology but also the biology of pathogens. In this in vitro study, we evaluated the efficacy of strategically combined far-red and blue LEDs applied in ratios of 1:5, 1:1, and 5:1 on the viability and pathogenicity of a *B. cinerea* isolate from tomato. The photomorphogenic response of *B. cinerea* under these treatments was compared with that under high-pressure sodium (HPS) lighting (supplementing ambient white light) and complete darkness. The results revealed that while all LED ratios effectively inhibited sporulation, only the 1:1 and 1:5 treatments significantly suppressed hyphal growth. Notably, the 1:1 and 1:5 ratios showed the greatest efficacy in reducing lesion development on detached leaves compared with all other treatments and controls. However, none of the LED treatments outperformed HPS or darkness in inhibiting spore germination. These findings suggest that specific far-red: blue LED combinations, particularly the 1:1 and 1:5 ratios, hold promise for managing grey mould in controlled-environment agriculture.

25 - Synthetic microbial communities in the phyllosphere and rhizosphere of soybean: A framework for understanding plant resilience to climate stress

Lilisbeth Rodríguez-Castro[1,2], Isabelle Laforest-Lapointe[1,2], Pascale Beauregard[1,2]

[1]Université de Sherbrooke, [2]Département de biologie

Climate change is increasing the frequency of droughts and heat waves, being a major threat to global food production. Modern agricultural practices, often depends on pesticides, chemical fertilizers, and monoculture systems, further degrade soils and reduce biodiversity. Managing these challenges requires innovative strategies to strengthen crop resilience under stressful environments.

One promising solution lies in plant-associated microbes. Plants interact with beneficial microorganisms inhabiting the rhizosphere (root) and phyllosphere (leaves), which support growth, nutrient acquisition, and protection against pathogens and abiotic stress, providing a natural support system for plant health. However, environmental changes can destabilize these interactions. In soybeans, rhizosphere microbes can supply up to half of the plant's nitrogen requirements, reducing dependency on synthetic fertilizers. This highlights the essential role of microbial partners in sustainable agriculture.

This project aims to design and evaluate synthetic microbial communities (SynComs) derived from soybean-associated bacteria in Quebec fields. Distinct SynComs will be developed for the phyllosphere (SynComL) and rhizosphere (SynComR) and evaluated in greenhouse experiments simulating drought and heat stress. The objective is to identify microbial consortia that improve soybean stress tolerance, promote growth, and preserve soil health, contributing to more resilient agricultural systems.

26 - Développement d'une technique de destruction des doryphores délogés des plants de pommes de terre par jets d'air

SID ALI MOSTEFA[1], Mohamed Khelifi[1]

[1]Université Laval

Le doryphore de la pomme de terre, classé parmi les insectes nuisibles les plus redoutés de cette culture, demeure un défi majeur pour les producteurs en raison de sa résistance accrue aux insecticides chimiques. Une dépendance excessive à ces produits chimiques engendre des impacts négatifs sur l'environnement et la santé humaine, nécessitant le développement de solutions alternatives pour lutter contre cet insecte nuisible. Une approche de lutte pneumatique s'est déjà avérée efficace pour déloger les doryphores au moyen de jets d'air, sans compromettre la croissance ni le rendement des plants de pommes de terre. Toutefois, la destruction des doryphores délogés nécessite des améliorations. Dans ce contexte, deux systèmes de destruction, l'un à vis sans fin et l'autre à vis sans fin couplé à un marteau broyeur, ont été conçus et testés. Un troisième système à deux cylindres rigoureux tournant en sens inverse a également été testé. Ce dernier s'est avéré plus efficace pour détruire les doryphores. Ce résultat ouvre la voie à une stratégie innovante de lutte contre le DPT par des moyens mécaniques et pneumatiques, ce qui contribuera à réduire l'usage des insecticides chimiques et à promouvoir une gestion durable des cultures de pommes de terre.

27 - Diversification and biogeography of Indian Himalayas C. sativa populations

Théo Devèze[1], Hugo Germain[1]

[1]UQTR

Cannabis sativa has a wide distribution of cultivated, feral and wild populations around the world. In the mountainous regions of northern India, through valleys and up the foothills of the Himalayan range, cannabis has been thriving for a long time. These cannabis plants, showing wild-like traits such as lanky, sparse inflorescences and easily shattering seeds, have not been extensively described.

To provide understanding on the genetic diversity landscape of these regions, essential for cannabis conservation and breeding programs, we conducted a sample collection in partnership with the Indian Institute of Technology in Roorkee through the northern states of Uttarakhand and Himachal Pradesh in India. Close to 500 cannabis plants have been sampled in various locations and ecosystems, along an elevation range of 3500m, on roadsides, riversides, in forests understory, in deep loose and moist soils or in more arid and rocky ones...

Through genotyping by sequencing, these plants population structure has been described and compared to other cultivated or wild cannabis populations previously studied. A biogeography analysis including soil composition, precipitation, temperatures and elevation has also been realized to learn about the environmental mecansisms underlying population distribution.

This abstract has been written without the use of any AI chatbot

28 - Microbial consortia to improve efficiency of phosphorus fertilizer use by tomato

SAID CHENTOUF[1], Joann Whalen[1, 2]

[1]UM6P, [2]McGill

Bioinoculants containing beneficial microorganisms like plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR) and arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) are expected to enhance plant productivity by increasing nutrient solubilization, phytohormone production, and abiotic stress tolerance. However, the efficacy of commercial bioinoculants in field environments is often limited by poor survival of the microbiota, lack of host specificity, and insufficient understanding of complex microbial interactions. The objective of this research is to develop a novel, robust microbial consortia that is compatible with tomato (*Solanum lycopersicum L.*). The methodological approach involves creating a mixture of commercial AMF *Rhizophagus irregularis* and locally sourced phosphate-solubilizing bacteria (PSB). Blending this consortium with rock phosphate has potential to enhance the P use efficiency of tomato (The core innovation in this research is the prospecting and incorporation of native microbes isolated from the rhizosphere of indigenous plants from an arid environment (e.g., *Aizoon hispanicum, Brassica spp., Astragalus sp.*), hypothesizing that bacteria from this niche will have superior stress tolerance. The research provides insights into the molecular, genetic, and ecological mechanisms governing plant-microbe interactions in relation to P fertilizer acquisition. This foundational knowledge will directly inform the rational design of effective, host-specific bioinoculants that improve P fertilizer use by tomato.

29 - Optimizing Protein Carbonylation Detection in Plant Proteomes

Mariana Elizabeth Martínez Cabanillas[1], Tagnon Missihoun[1]

[1]Université du Québec à Trois-Rivières

Protein carbonylation is a key oxidative modification involved in plant stress responses. Initially, protein labeling relied on Cy5.5-Hz and Cy7.5-Hz dyes to capture carbonylation. However, these dyes presented several limitations, including low specificity for carbonyl groups, background fluorescence interference and signal instability overtime. Moreover, their reliance on indirect detection made it challenging to achieve precise quantification of carbonylated proteins.

To overcome these issues, we have optimized the methodology by introducing m-aminophenylacetylene (m-APA) as a labeling reagent.

Unlike previous dyes, m-APA offers higher reactivity and selectivity towards carbonylated proteins due to its enhanced nucleophilicity. It operates optimally at acidic pH (5-6), promoting efficient labeling while preventing unwanted imine formation through cyanoborohydride reduction. After labeling, proteins undergo methanol precipitation to remove excess reagents, followed by a click chemistry reaction to facilitate detection.

This approach improved the accuracy and efficiency of protein carbonylation analysis, providing deeper insights into oxidative modifications in plant proteomes. The enhanced detection method paves the way for a better understanding of the impact of protein carbonylation on the biochemical regulation of plant stress responses, contributing to advancements in sustainable agriculture.

30 - Concordances entre sexe floral et les gibbérellines chez C. sativa

Julien Roy[1], Adrian Monthony[1], Davoud Torkamaneh[1]

[1]Université Laval

Cannabis sativa est une espèce dioïque dotée d'une plasticité sexuelle, avec formation de fleurs femelles sur des plants mâles et inversement. Les phytohormones y contribuent, l'application d'acide gibbérelique étant associé à la masculinisation, mais les mécanismes moléculaires et leurs interactions demeurent mal définis. Nous avons perturbé le signal de l'éthylène pour induire l'inversion sexuelle, réalisé une analyse transcriptomique et évalué l'expression différentielle des gènes de la voie des gibbérellines (GA) identifiés par orthologie. Des orthologues couvrant les principales étapes de biosynthèse et régulation ont été identifiés. À 24 h post-traitement, quelques gènes étaient affectés; deux semaines plus tard, les profils d'expression divergeaient nettement des témoins. Dans les fleurs femelles induites, les modifications de la voie GA étaient cohérentes avec une synthèse réduite de GA bioactives. Dans les fleurs mâles induites, plusieurs gènes codant des enzymes d'activation et d'inactivation des GA étaient différentiellement exprimés, suggérant un niveau accru de GA actives. La voie GA semble répondre rapidement aux perturbations de l'éthylène, ce qui soutient une interaction entre les signalisations de l'éthylène et des GA lors de l'inversion sexuelle chez *C. sativa*. La régulation de la biosynthèse et du renouvellement des GA bioactives semble liée à la plasticité sexuelle de cette espèce.

31 - Enhanced efficiency phosphorus fertilizer with plant growth-promoting bacteria

khalid LEMRHARI[1], Joann WHALEN[1, 2]

[1]Centre for Sustainable Soil Sciences, Mohammed VI Polytechnic University, 43150, Benguerir, Morocco, [2]Department of Natural Resource Sciences, McGill University, Montreal, Quebec H9X 3V9, Canada

Bacterial biostimulants enhance soil productivity and fertility, and have considerable potential to improve crop resilience in sustainable agroecosystems. To effectively enhance crop growth, the bacterial biostimulant must be prepared in a stable formulation that can withstand multiple abiotic stresses, have a long shelf life, and be readily delivered to the plant, ideally in combination with a fertilizer that supports the nutritional needs of the fast-growing crop. Investigation of encapsulation and coating technologies is needed to protect the bacterial biostimulant from abiotic stress in fertilizer granules, related to high acidity, elevated temperature, and trace metals that are generated during fertilizer production. The research objective is to develop a novel bacterial biostimulant containing *Bacillus velezensis* endospores combined with conventional phosphorus fertilizer. Experiments are designed to quantify the shelf-life of the biologically enhanced fertilizer and to define the optimal storage conditions and practices that maintain the biostimulant viability. The agronomic performance of the formulated biostimulant is studied in economically important crop families (cereals and Solanaceae). Finally, advanced techniques are used to explore the underlying molecular mechanisms that determine the bacterial biostimulant's ability to improve agronomic efficacy within the fertilizer-soil-plant nexus.

32 - Soil biogeochemical and biological functions in Soil Health

Youssef ZOGGAGH[1], Joann Whalen[2]

[1]um6p, [2]McGill

Abstract Soil phosphorus (P) availability is a critical constraint to plant productivity in calcareous soils, where high calcium carbonate content leads to strong chemical fixation of P. This may limit crop production on calcareous soils of arid and semi-arid regions, which cover about 30% of the global land area. Calcareous soils are the dominant soil type in Morocco, and consequently P fixation poses significant challenges to smallholder farming and national food security. This research aims to enhance phosphorus use efficiency (PUE) by investigating the biogeochemical and biochemical processes responsible for P turnover in calcareous soils. This is accomplished through a meta-analysis of microbial biostimulants; an incubation study examining interactions among P inputs, soil moisture, and $CaCO_3$; an isotope tracing experiment using ^{18}O/ 16O-labeled phosphate to quantify P dynamics across soil pools; and the parameterization of a mechanistic model to simulate P cycling and support site-specific fertilization strategies for calcareous soils. By linking experimental data with process-based modeling, the project offers new insights into P behavior in calcareous soils for improved nutrient management in Moroccan agroecosystems. Key words: Soil organic matter, P fertilizers, P turnover, nutrient isotope techniques, microbiota, Phosphorus use efficiency

33 - Dynamique du protéome carbonylé et du protéome total lors du cycle cellulaire de la microalgue Chlamydomonas reinhardtii

Michel Dagbozounkou[1]

[1]etudiant

La carbonylation des protéines est une modification post-traductionnelle irréversible et non enzymatique induite par les espèces réactives de l'oxygène dans les cellules animales et végétales. Chez *Arabidopsis thaliana*, les protéines carbonylées s'accumulent durant la phase végétative, puis disparaissent soudainement avant la phase reproductive, sans que le mécanisme soit connu. Pour élucider ce mécanisme, notre étude utilise la microalgue unicellulaire *Chlamydomonas reinhardtii* afin d'analyser la dynamique du protéome total et carbonylé durant les phases d'un cycle cellulaire. Pour ce faire, la croissance des cellules a été mesurée avec le compteur Beckman Multisizer. Les protéines ont été analysées par électrophorèse 2D. Les résultats montrent que la croissance de *C. reinhardtii* dépend du milieu de culture. Nous observons aussi que l'expression des protéines est calquée sur le cycle cellulaire; l'expression étant plus abondante dans la phase de lumière que dans la phase d'obscurité. Des analyses par LC-MS/MS sont en cours afin d'identifier les protéines carbonylées et de les corréler avec l'abondance des protéines totales au cours des différentes phases du cycle cellulaire.

34 - Quelles techniques de semis permettent la diversification des communautés fleuries ? : Résultats préliminaires

Viviane L. Jobin[1, 2], Stéphanie Pellerine[3], Laurence Turmel-Courchesne[2], Monique Poulin[2], Guillaume Grégoire[1, 2]

[1]Centre de recherche et d'innovation sur les végétaux, Université Laval, [2]Département de phytologie, Université Laval, [3]Département de sciences biologiques, Institut de recherche en biologie végétale, Université de Montréal

L'îlot fleuri est un aménagement végétal d'espèces herbacées à fleurs, avec ou sans graminées, qui peut être utilisé pour augmenter la biodiversité des bordures de bassins de rétention et en accroître l'attrait esthétique à des fins d'acceptabilité sociale. Les méthodes de semis et d'entretien, la composition des mélanges de semences et la période de semis permettant d'établir des communautés végétales durables dans ces environnements restent encore peu étudiées. L'expérience étant le premier volet du projet et les pourtours de bassins de rétention ayant une surface utilisable limitée, les essais de cette expérience ont lieu à la ferme expérimentale de l'Université Laval, à Québec. Quatre mélanges maison et deux commerciaux de différentes combinaisons d'espèces annuelles, vivaces, exotiques et indigènes y ont été semés au printemps et à l'automne sur sol nu. L'influence des pratiques culturales comme la fauche et la fertilisation sur l'établissement et l'évolution des communautés végétales a également été évaluée. L'objectif est de mieux comprendre les facteurs-clé du succès de l'établissement de prés fleuris dans le but de favoriser le succès d'initiatives de diversification végétale en milieu mésique.

35 - Tester la tolérance des patates à la sécheresse… sans pluie ni beau temps

Ludovic Lamboley Pouliot[1]

[1]université laval

La pomme de terre est la quatrième source alimentaire dans le monde et une culture importante au Québec. Malheureusement, son système racinaire peu développé et ses besoins élevés en eau la rendent très vulnérable aux sécheresses. Dans le contexte climatique actuel, marqué par des hausses de températures et des précipitations irrégulières, cette vulnérabilité menace la stabilité des rendements à la ferme. Afin de répondre à ce problème, ce projet évalue la robustesse d'un test *in vitro* permettant de prédire la tolérance au stress hydrique. Ce test repose sur la culture *in vitro* de plantules en milieu additionné de polyéthylène glycol, un agent de stress osmotique simulant la sécheresse. Dix-huit variétés d'importance au Québec sont caractérisées selon leur réponse en croissance *in vitro* et comparées pour leur performance en champ en situation de stress hydrique. L'objectif est de vérifier si la réduction de croissance observée in vitro peut être corrélée à d'éventuelles pertes de rendement champ. Si tel est le cas, cette approche s'avèrera utile ensuite comme outil de prédiction rapide pour discriminer les variétés selon leur tolérance au stress hydrique et orienter le choix de cultivars à utiliser face à des sécheresses de plus en plus fréquentes.

36 - A Microalgal Platform for Cinnamaldehyde Biosynthesis

Brandon Jaramillo[1], Isabel Desgagne-penix[1], Natacha Merindol[1]

[1]Université du Québec à Trois-Rivières

Traditionally, cinnamaldehyde is obtained from *Cinnamomum* trees, which take three years to mature. Recent research explores microbial cell factories as more efficient alternatives. Based on this, my project hypothesizes that the diatom *Phaeodactylum tricornutum* can be bioengineered as a platform for cinnamaldehyde production. The methodology involves the construction of expression vectors through gene synthesis and Gibson assembly, followed by cloning in *E. coli*. The verified plasmids will be mobilized into *P. tricornutum* via conjugation with *E. coli*. Transformed colonies will be confirmed by sequencing. Finally, cultures will be scaled up to larger volumes to perform growth analysis, western blot, and metabolite profiling.

Preliminary results include the construction of the cinnamaldehyde biosynthetic pathway in microalgae and the identification of key genes involved. A toxicity assay with pathway precursors revealed that *P. tricornutum* can assimilate most compounds, although cinnamaldehyde itself is highly toxic even at low concentrations and induces vesicle formation at higher concentrations. Additionally, cassette construction was carried out, leading to the use of a β-estradiol-inducible system for 4CL and CCR genes to mitigate stress and toxicity. These findings represent a starting point toward engineering *P. tricornutum* as a cinnamaldehyde biofactory with potential applications as a natural pesticide fertilizer.

37 - Effets de la diversité fonctionnelle des mélanges de semences, des paillis et des amendements pour la revégétalisation des cours d'eau restaurés

Elizabeth Leger[1, 2], Bérenger Bourgeois[1], Laurence Turmel-Courchesne[1], Monique Poulin[1], Guillaume Grégoire[1, 2]

[1]Département de phytologie, Université Laval, [2]Centre de recherche et d'innovation sur les végétaux, Université Laval

En 2024, des travaux de reméandrage et reprofilage d'un ruisseau agricole à La Pocatière ont été réalisés pour contrer l'érosion, l'envasement et la sédimentation. Des banquettes en gravier ont été instaurées pour créer des méandres, mais leur colonisation spontanée par les plantes de milieux humides est incertaine compte tenu du substrat pauvre, la présence de phragmites en amont et la fluctuation des niveaux d'eau. Ce projet vise à revégétaliser les banquettes par ensemencement d'espèces indigènes graminoïdes, évaluer le succès d'établissement et les effets de l'utilisation de paillis et de compost.

Six mélanges de semences ont été étudiés (trois commerciaux et trois maison). Les traits fonctionnels d'espèces (tolérance hydrique, longueur racinaire spécifique) et l'adaptabilité à des textures de sols variées orientaient la composition des mélanges maison.

Des expériences préalables en serre ont permis d'orienter les choix d'amendements (compost) et de paillis (bois raméale fragmenté, paille avec filet de jute, matelas de fibre de coco) afin d'augmenter les chances d'implantation. Les paillis de coco et de paille se sont révélés les plus efficaces, avec un effet positif du compost. L'ensemencement a eu lieu en juin 2025 ; la phase terrain s'étendra jusqu'en 2026 pour confirmer les résultats préliminaires de l'été 2025.

38 - Caractérisation de gènes dérivés d'éléments transposables dans le génome du riz asiatique

Aurore Johary[1], Zoé Joly-Lopez[1]

[1]Université du Québec à Montréal

Les éléments transposables (ET) sont des séquences d'ADN non codantes, abondantes, mobiles et diversifiées. Ils constituent une source importante d'innovation génomique, notamment par le biais de l'exaptation, un processus par lequel des ET change de rôle pour devenir par exemple des gènes fonctionnels (ET exapté ou ETE). Bien que ce phénomène soit bien documenté chez les mammifères, peu d'ETE ont été caractérisés chez les plantes.

Une étude récente d'un groupe phylogénétique a identifié, *in silico*, chez le riz (*Oryza sativa*), des séquences s'apparentant davantage à la famille de facteur de transcription FAR1 (issues d'ET), qu'à des ET actifs, mais sans validation expérimentale (Joly-Lopez et al., 2016). Ce projet vise donc à caractériser ces ETE *bona fide* par une approche de génétique inversée. D'abord nous confirmerons leur expression *in silico* et *in vivo*, et analyserons la localisation subcellulaire de leur protéine correspondante. Étant donné leur homologie avec des facteurs de transcription connus, nous identifierons leurs sites de liaison à l'ADN par DAP-seq. Enfin, une mutagénèse dirigée via le système CRISPR/Cas9 sera effectué afin d'évaluer les effets phénotypiques et génotypiques de ces ETE chez *O. sativa*.

Ce travail contribuera à mieux comprendre l'impact fonctionnel de l'exaptation d'ET dans les génomes végétaux.

39 - Risk Assessment of Chemical and Biological Contaminants in Organic Greenhouse Inputs and Systems

Sahar Ziedi[1], Martine Dorais[1], Caroline Coté[2]

[1]Université Laval, [2]IRDA

Organic fertilizers are commonly used in greenhouse vegetable production to improve soil fertility and yield, but they may introduce chemical and microbiological contaminants such as heavy metals, human pathogens, and antibiotic resistance genes. This study aimed to identify these contaminants in different organic fertilizers and examine their effects on pathogen survival under greenhouse conditions.

In Phase 1, fifteen fertilizers were analyzed for Cu, Zn, Pb, As, and Cd, as well as Escherichia coli, Salmonella spp., and Listeria monocytogenes. Most fertilizers showed low microbial contamination, except shrimp compost, which had the highest E. coli, L. monocytogenes, and coliform counts. Metal concentrations varied widely, with composted turkey manure and crustacean meal showing the highest levels.

In Phase 2, lettuce substrates amended with four fertilizers were inoculated with pathogens and monitored for 56 days at 20 °C. Chicken manure granules supported the greatest pathogen growth, followed by alfalfa meal and bone meal, while insect frass had a moderate effect. Unamended substrates remained less contaminated.

This study highlights the importance of selecting and monitoring organic fertilizers to protect food safety.

40 - An iterative expansion protocol for high-resolution imaging of Arabidopsis thaliana root tip cells

Tiago Silva Oliveira[1], Hugo Germain[1]

[1]Université du Québec à Trois-Rivières

Since its introduction in 2015, expansion microscopy (ExM) has become a powerful microscopy approach for super resolution imaging, though its application to plant tissues remains limited due to rigid cell walls that restrict expansion. To overcome this, we developed an iterative ExM protocol optimized for Arabidopsis thaliana root tips, achieving up to ~15× expansion compared to the typical fourfold. Six-day-old seedlings were fixed in 4% paraformaldehyde for one hour, followed by digestion of the cell wall using 2% Driselase during 40 minutes. Roots were embedded in a hydrogel composed of 1% acrylamide, 19% sodium acrylate, and 0.1% DHEBA. Proteins were denatured with 200 mM SDS at 73°C for 4h, and the first expansion performed in ultrapure water. Successive rounds of gelation and alkaline dissociation enabled multiple expansion steps. Expanded samples were stained with Sytox Green for DNA, then imaged by confocal microscopy. The expanded root tips maintained their overall structure while allowing visualization of subcellular details. Expanded root tips were compared to non-expanded ones, revealing that root cells could expand up to approximately 15x their original size, while maintaining structural integrity. This protocol enables high-resolution, volumetric imaging of plant root tissues and can be adapted to other biological contexts.

41 - Un aldéhyde biogénique module le métabolisme du GABA par inhibition du SSADH chez Arabidopsis thaliana

Hela Baccouche[1], Tagnon Missihoun[1]

[1]UQTR

Les aldéhydes volatils biogéniques jouent un rôle central dans la communication plante-environnement et la défense contre les stress biotiques. Le 2-hexénal (2-Hex), un aldéhyde α,β-insaturé dérivé de la voie des lipoxygénases, exerce des effets allélopathiques marqués, notamment l'inhibition de la croissance racinaire chez *Arabidopsis thaliana*. Cependant, ses cibles moléculaires demeurent peu caractérisées.

Ici, nous explorons la succinate semialdéhyde déshydrogénase (SSADH), enzyme clé reliant le métabolisme du GABA au cycle de Krebs, comme cible potentielle du 2-Hex. La SSADH recombinante d'*A. thaliana* a été exprimée dans *Escherichia coli* et purifiée par chromatographie d'affinité. Les cinétiques enzymatiques, suivies à 340 nm, révèlent une inhibition dose-dépendante en présence du 2-Hex.

Cette inhibition suggère fortement une interaction covalente ou réversible entre le 2-Hex et un résidu thiol du site actif, pouvant conduire à une altération de la catalyse oxydative. Ces résultats apportent de nouveaux éléments sur la façon dont les aldéhydes volatils peuvent moduler le métabolisme énergétique végétal et influencer la réponse des plantes aux stress biotiques.

42 - Single-cell RNA sequencing reveals cell-type specific responses to clubroot infection in Arabidopsis thaliana roots

Jose Luis Valdez Lopez[1, 2, 3, 4], Melaine Gonzalez Garcia[1, 2, 3, 4], Soham Mukhopadhyay[5], Edel Perez Lopez[1, 2, 3, 4]

[1]Département de phytologie, Faculté des sciences de l'agriculture et de l'alimentation, Université Laval, Québec City, Québec, Canada, [2]Centre de recherche et d'innovation sur les végétaux, Université Laval, Québec City, Québec, Canada, [3]Institute de Biologie Intégrative et des Systèmes (IBIS), Université Laval, Québec City, Québec, Canada, [4]L'Institute EDS, Université Laval, Quebec City, Québec City, Québec, Canada, [5]Department of Biology, The University of New Mexico, New Mexico, USA

Clubroot disease, caused by *Plasmodiophora brassicae*, is a major threat to global Brassica production. In Canada, the canola sector contributes ~C$43.7 billion annually, making durable resistance a national priority. Because new pathogen isolates rapidly overcome existing resistance, there is an urgent need to resolve host-pathogen interactions at single-cell resolution. We aim to map cellular heterogeneity and cell-type-specific transcriptional responses during clubroot infection in *Arabidopsis thaliana* roots using single-cell RNA sequencing. We will profile resistant (Tsu-0) and susceptible (Col-0) ecotypes infected with the Canadian isolate Pb3A at multiple time points. Root nuclei will be isolated and sequenced. Bioinformatics will include quality control, dimensionality reduction, cell clustering, and differential gene-expression analyses across conditions and ecotypes. We expect to identify distinct root cell populations and their infection-specific responses, revealing novel defense pathways, candidate resistance genes, and cellular mechanisms underlying *P. brassicae* virulence. These insights will guide durable clubroot-resistance strategies and support sustainable canola production.

43 - Isolation and Characterization of Alder Root-Associated Endophytic Fungi from Contaminated Soils

Sabrine Ghazouani[1], Guy Caumartin[2], Nathali DeChamplain[2], Damase P Khasa[1]

[1]Laval University, [2]CEME-Laganière

Soil pollution with heavy metals (HMs) and/or polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) represents a major environmental challenge. Fungi-assisted phytoremediation offers an eco-friendly and cost-effective alternative to conventional physicochemical methods for soil decontamination. Autochthonous symbiotic fungi from polluted sites may play a crucial role in enhancing phytomycoremediation of contaminated soils. Selecting appropriate strains is therefore a key step. In the present study, a trapping experiment was conducted using two alder species, *Alnus rugosa* and *Alnus crispa*, grown in HMs, PAHs, and co-polluted soils to isolate root endophytic fungi. From numerous isolated strains, only eight were selected for further study. These strains were assessed for their resistance to various HMs, including As, Cr, Mn, Mo, Ni, and Pb, and for plant growth-promoting traits such as siderophore production, auxin production, phosphate solubilization, and antagonistic activity. The minimal inhibitory concentrations of each HM were determined, revealing distinct resistance patterns. All strains produced siderophores and indole-3-acetic acid, while some exhibited antagonistic activity. No phosphate solubilization activity was detected in any of the strains. These characterized endophytic fungi represent promising candidates for the bioremediation of HMs, PAHs, and co-contaminated soils. Their potential to tolerate multiple HMs and support plant growth suggests they could significantly enhance phytoremediation efficiency.

44 - Lost in Transit: Exudate trafficking and secretion in the cpc try hairless root mutant

Juliet Yehia[1,2], Emily Larson[1,2]

[1]Université de Montréal, [2]Institut de Recherche en Biologie Végétale

Root hairs are crucial for nutrient and water acquisition in plants as they increase root surface area and produce root exudates. Many functions of root exudates have been identified, but little is known about the genes implicated in the regulation of exudate expression, trafficking and secretion. The CAPCRICE (CPC) and TRIPTYCHON (TRY) genes have primarily been implicated in root hair development. However, our preliminary results indicate that exudates are trapped in the endoplasmic reticulum of the *cpc try* hairless root mutant. In this research, we will study the potential role of the CPC and TRY genes in exudate expression, trafficking and secretion. We will first determine if exudate gene expression is altered in the *cpc*, *try* and *cpc try* mutants compared to wild-type using RT-PCR. We will then evaluate secretion patterns using immunoblotting to visualize exudates on the root cell surface of mutants and wild-type. Finally, we will determine if the trafficking of the exudates through the cell differs between mutants and wild-type by observing transgenic lines co-expressing fluorescent exudate proteins and endomembrane markers. This study will help us better understand how exudates are produced and secreted which could enhance our ability to improve crop resilience and soil health.

45 - Identification de régions génomiques influençant l'accumulation de composés volatils liés à la flaveur chez la pomme de terre (Solanum tuberosum)

Johny Dery[1], Charles Goulet[1]

[1]Université Laval

La pomme de terre (*Solanum tuberosum*) constitue une culture d'importance mondiale, mais la baisse de sa consommation de la pomme de terre de table au Canada souligne la nécessité d'améliorer ses qualités sensorielles. L'arôme, déterminé par un ensemble complexe de sentiers métaboliques, reste peu exploré sur le plan génétique. Cette étude visait à identifier des régions génomiques (QTL) associées à la variabilité des composés volatils sur une population de 408 variétés. Les analyses par chromatographie en phase gazeuse ont permis d'identifier 79 composés volatils, regroupés en aldéhydes, alcools, cétones, terpènes, esters et composés soufrés. Les composés issus de la voie lipidique représentaient environ 85 % du profil volatil, confirmant leur rôle central sur la flaveur de la pomme de terre. L'analyse d'association pangénomique (GWAS) a révélé 218 QTL, dont 18 majeurs (LOD ≥ 10). Un QTL notable pour le copaène a été détecté sur le chromosome 7, contenant plusieurs gènes de terpène synthase, suggérant une régulation structurée du métabolisme des terpènes. Ces résultats mettent en évidence des régions génétiques clés contrôlant l'accumulation de composés volatils et ouvrent la voie à l'utilisation de marqueurs moléculaires pour la sélection variétale axée sur la qualité aromatique et la satisfaction des consommateurs.

46 - Genome-wide association study reveals pleiotropic loci controlling flowering time, morphology, and cannabinoid biosynthesis in Cannabis landraces

Mehdi Babaei[1, 2, 3, 4], Davoud Torkamaneh[1, 2, 3, 4]

[1]Département de Phytologie, Université Laval, Rue de l'Université, Québec City, G1V 0A6, Québec, Canada., [2]Institut de Biologie Intégrative et des Systèmes (IBIS), Université Laval, Rue de l'Université, Québec City, G1V 0A6, Québec, Canada., [3]Centre de recherche et d'innovation sur les végétaux (CRIV), Université Laval, Rue de l'Agriculture Québec City, G1V 0A6, Québec, Canada., [4]Institute Intelligence and Data (IID), Université Laval, Rue de l'Agriculture Québec City, G1V 0A6, Québec, Canada

Cannabis (*Cannabis sativa* L.) represents one of humanity's earliest domesticated crops, yet scientific understanding of its genetic architecture has been limited by prohibition and narrow commercial breeding. We conducted comprehensive phenotypic and genetic analysis of 145 Iranian cannabis landrace accessions using high-density genotyping-by-sequencing (HD-GBS). A total of 233K high-quality SNPs were analyzed via genome-wide association studies (GWAS) for 42 phenological, morphological, and phytochemical traits. Population structure analysis revealed three distinct genetic clades corresponding to different climatic zones. GWAS identified 91 genome-wide significant markers associated with 40 traits, with 15 highly pleiotropic loci showing broad regulatory effects. Key discoveries include *AutoFlower3* (*CsFT3*) on chromosome 8, influencing flowering time, plant architecture, and cannabinoid biosynthesis, and *CircadianFloweringLocus1* (*CsCFL1*) on chromosome 9, affecting 12 distinct traits. Major cannabinoid pathway regulators *THCALocus1* and *CBDALocus1* explained up to 94% and 67.2% of phenotypic variance, respectively. Rapid linkage disequilibrium decay (300 bp) enabled high-resolution mapping, while high heritability (H^2 up to 0.91) indicated strong genetic control. This study provides the most comprehensive genetic characterization of cannabis landraces to date, revealing extensive pleiotropy and identifying powerful molecular markers for breeding applications. These findings establish a robust foundation for marker-assisted selection and gene editing approaches in cannabis improvement.

47 - De l’acide férulique à l’arôme vanilline : potentiel d’une voie enzymatique chez Chlamydomonas reinhardtii

arnold william tazon[1], Sarah-Eve Gélinas[1], Natacha Mérindol[1], Fatma Meddeb-Mouelhi[1], Isabel Desgagné-Penix[1]

[1]Universite du quebec a trois-rivieres

La vanilline est l’une des saveurs les plus populaires au monde, principalement en raison de ses applications dans les industries alimentaire, cosmétique et pharmaceutique. Chez *Vanilla planifolia*, la vanilline peut être synthétisée à partir de l’acide férulique grâce à la vanilline synthase (VpVAN), tandis que dans d’autres organismes, tels que certaines bactéries, elle est produite par l’action de la feruloyl-CoA synthétase (FCS) et de l’enoyl-CoA hydratase (ECH). Actuellement, le marché mondial de la vanilline est estimé à 850,3 millions USD en 2025 et devrait atteindre 1 434,2 millions USD d’ici 2035. Étant donné que la production de vanille naturelle à partir des gousses de *V. planifolia* est extrêmement laborieuse, les approches biotechnologiques deviennent indispensables. Dans ce projet, nous avons évalué la capacité de *C. reinhardtii* à métaboliser l’acide férulique, précurseur clé de la vanilline. Des essais de culture ont montré que l’ajout d’acide férulique soutient la croissance et favorise l’accumulation de composés aromatiques apparentés à la vanilline. Des analyses bio-informatiques et expérimentales suggèrent la présence d’une voie enzymatique endogène permettant le clivage de la fonction acrylique de l’acide férulique. Ces résultats ouvrent la voie au développement d’une stratégie microalgale de biosynthèse de la vanilline, offrant une alternative durable et écologique.

48 - Comment le microbiote foliaire peut-il influencer un phytopathogène in planta : une histoire de Pseudomonas syringae et d’Arabidopsis

Gaële Lajeunesse[1], Isabelle Laforest-Lapointe[1]

[1]Université de Sherbrooke

Les plantes sont colonisées par de nombreux microorganismes qui peuvent interagir entre eux, ainsi qu’avec leur environnement et leur hôte (i.e. microbiote végétal). Des études ont tenté de comprendre le rôle de ce microbiote dans la croissance et la santé des plantes. En outre, l'impact des agents pathogènes sur le système immunitaire végétal a fait l'objet d'innombrables recherches. Cependant, l'implication du microbiote dans l'établissement d'un agent pathogène est encore un domaine d'étude émergent. Ici, nous cherchons à mieux comprendre l'interaction tripartite entre un phytopathogène, *Pseudomonas syringae*, une plante*, Arabidopsis thaliana*, et son microbiote foliaire. Nous utilisons une communauté synthétique de 60 souches bactériennes pour tester si les membres du microbiote peuvent, seuls ou en combinaison, affecter la croissance de *P. syringae in planta*. Nos résultats montrent que certaines souches candidates pourraient augmenter la résistance de l'hôte végétal contre le pathogène en réduisant sa croissance au niveau des tissus foliaires. Ces candidats incluent des membres des genres *Microbacterium* et *Arthrobacter*, dont une souche clé du microbiote d’*Arabidopsis*. À terme, notre étude permettra de mieux comprendre non seulement les interactions entre microbes qui se produisent sur une plante hôte, mais aussi comment ces interactions affectent la santé de l'hôte en cas d'infection.

49 - Characterisation of candidate cis-regulatory elements in the environmental stress response of Oryza sativa

Fabian Ortner-Krause[1], Zoé Joly-Lopez[1]

[1]Université du Québec à Montréal

Plants respond to environmental stresses by extensive gene expression reprogramming, creating stress-specific expression profiles, leading to morphological adaptations. Major regulators of these processes are noncoding DNA sequences called *cis*-regulatory elements (CREs). An abundant class of CREs are enhancers, which control and increase the magnitude of spatiotemporal expression of their target genes. In contrast to mammalian systems, where enhancers display distinct characteristics like the hallmark transcribed enhancer RNA (eRNA), plant enhancers are not well characterised.

My PhD project focuses on the characterisation of enhancer CREs involved in the drought stress response of Asian rice (*Oryza sativa*) via the identification of differentially transcribed eRNAs. Using a systems biological approach, I identified a set of transcribed drought enhancer candidates. Several showed differential expression under stress. These signals combine the methylation-, accessibility-, and transcription profiles typically found around active enhancers. The presence of these signals in proximal or genomic positions led to an increase in expression of the neighbouring or hosting genes. This effect was intensified for upregulated enhancers under drought conditions.

My results lay the foundation for the establishment of a drought stress gene regulation network, that can lead to the creation of robust and high-yielding *O. sativa* accessions under water depleted conditions.

50 - Caractérisation des séquences régulatrices dans le contexte de la polyploïdie dans le génome du bleuet

Marina GOLIASSE[1], Zoé Joly-Lopez[1]

[1]Université du Québec à Montréal

La duplication du génome est un événement évolutif majeur doublant l'ensemble des chromosomes et des gènes chez une espèce. Elle entraîne une réorganisation complète du génome avec des réarrangements chromosomiques et des pertes des copies de gènes, affectant alors l'expression des gènes et des processus épigénétiques. Néanmoins, chez les espèces qui parviennent à survivre, cette duplication peut faire émerger de nouvelles caractéristiques phénotypiques avantageuses par rapport aux espèces diploïdes. Fréquents chez les plantes, ces événements ont largement contribué à la domestication, notamment des espèces agricoles dont beaucoup sont polyploïdes.

Pour préserver leur stabilité génomique, les plantes polyploïdes mobilisent des mécanismes de régulation impliquant les petits ARNs non-codants, principalement les micro-ARNs et les petits ARNs interférents, essentiels à la régulation de la croissance et du développement. Décrypter l'évolution des mécanismes de régulation par les petits ARNs est nécessaire pour maintenir la stabilité génomique après une duplication et assurer la pérennité des espèces.

Mon projet vise à caractériser l'évolution et la plasticité des petits ARNs dans la régulation génique en contexte polyploïdie, chez le bleuet à feuilles étroites. Avec des d'approches bio-informatiques, j'analyserai leur contribution à la stabilité du génome et leur implication dans l'adaptation des espèces post-duplication, via la régulation des mécanismes épigénétiques et du dosage génique.

51 - Génomique et phylogénie de Pythium tracheiphilum : vers des stratégies durables pour la protection de la laitue pommée

Maxime Lussier-Lépine[1, 2], Philippe Constant[2], Hervé Van Der Heyden[1]

[1]Agriculture et Agroalimentaire Canada, [2]institut national de la recherche scientifique

Le Québec produit près de 90 % de la laitue fraîche du Canada et cette culture représente la plus haute valeur à la ferme parmi les légumes maraîchers de la province, estimée à un peu plus de 87 millions de dollars en 2024. Une partie considérable de cette production correspond à la laitue pommée (*Lactuca sativa var. capitata*), sensible à *Pythium tracheiphilum*, un agent pathogène pouvant provoquer jusqu'à 50% de pertes.

Au cours du projet, nous avons séquencé et assemblé le premier génome de *P. tracheiphilum* dans le but de produire un génome de référence de haute qualité et de permettre l'analyse comparative d'une trentaine de souches distinctes. L'étude des variations nucléotidiques (SNP) révèle la diversité génétique intraspécifique et permet de regrouper les isolats. Les approches phylogénétiques placent *P. tracheiphilum* parmi les autres oomycètes et fournissent un cadre pour associer les données génétiques aux traits phénotypiques, tels que la virulence ou la tolérance environnementale.

Nos résultats établissent les bases nécessaires à l'étude approfondie des interactions hôte-pathogène et appuient le développement de stratégies de phytoprotection durable par l'identification de cultivars résistants et par la réduction de l'usage de fongicides chimiques.

52 - Les pratiques agricoles : un facteur important pour mieux comprendre les dynamiques microbiennes chez le pommier

Sophie Boutin[1]

[1]Université de Sherbrooke

La phyllosphère est un environnement dans lequel on retrouve des communautés microbiennes diversifiées. Dans un contexte semi contrôlé comme celui des cultures végétales en champs, ces microbes peuvent jouer des rôles importants dans la santé, la croissance et la productivité. Cependant, les bactéries et les champignons présents sur les feuilles peuvent être influencés par les pratiques agricoles spécifiques à chaque culture. Chez le pommier, les pratiques agricoles ont un impact sur les communautés bactériennes et fongiques. Alors que trois vergers conventionnels et trois vergers biologiques ont été échantillonnés, il a été possible de comparer l'effet des différentes pratiques sur la composition et la diversité microbienne. Notamment, les vergers biologiques semblent être hôtes de taxons fongiques potentiellement pathogènes tout en ayant une diversité alpha stable tout au long de la saison de production. Au contraire, les vergers conventionnels arborent plusieurs taxons fongiques bénéfiques alors que la diversité alpha y diminue entre le printemps et l'automne. Dans une perspective de rendre l'agriculture une pratique durable, ces résultats apportent de nouvelles pistes d'information quant à l'importance de considérer l'effet des pratiques agricoles sur les communautés microbiennes.

Présentations orales

Session A : Agriculture durable, pratiques culturales et adaptation des plantes

Session A: Sustainable Agriculture, Cropping Practices and Plant Adaptation

1 - Water stress resistance of seven maple species in urban forests

Elyse Malleret[1], Vincent Maire[1], Laurent Lamarque[2]

[1]UQTR, [2]CFL

Cities depend on numerous ecosystem services provided by urban forests. However, these forests face increased environmental stress in urban settings, such as rising temperatures and more frequent and intense droughts. My presentation will therefore focus on drought tolerance in urban trees, a crucial factor in identifying woodlands at risk of tree mortality that could compromise the ecosystem services we rely on. My research project, which takes place in four urban forests located in Trois-Rivières, aims to study drought resistance in seven species belonging to the *Acer* genus, which holds significant ecological, economic, and cultural importance in Quebec. Inter-species variation was observed in stem and leaf embolism resistance, as well as in hydraulic safety margins estimated from embolism resistance thresholds and minimum water potential. These results will provide valuable insights for the planning and management of urban woodlands and for maintaining ecosystem services in a warmer and drier climate.

2 - Étude de l'effet de la date de semis et de la densité sur les rendements de la caméline d'automne au Québec

Marine Jacquelin[1], Bérenger Bourgeois[1], Jean-Pascal Matteau[1]

[1]Université Laval

L'agriculture intensive, comme la biculture maïs et soya principalement répandu au Québec, a conduit à des systèmes de production simplifiés, menaçant la durabilité environnementale et la sécurité alimentaire. La caméline, une plante oléagineuse, apparaît comme une culture prometteuse pour diversifier ces systèmes. Autrefois cultivée, elle connaît aujourd'hui un regain d'intérêt, pour la valorisation de son huile et pour son potentiel agronomique. L'intégration de la caméline d'automne comme culture de couverture hivernale permettrait de diversifier les systèmes de production au Québec. Cette recherche vise à de tester une variété de caméline d'automne « Joëlle », reconnue pour sa résistance au froid et identifiée une date et une densité de semis optimale.Deux dates de semis ont été testées, soit la mi-septembre et la fin septembre, avec trois densités différentes : 5,6 kg·ha^{-1}, 9,1 kg·ha^{-1} et 11,9 kg·ha^{-1}. Les résultats de l'essai 2024 ont montré qu'il n'existait pas de différences significatives entre les dates de semis sur le rendement (p-value > 0,05). En revanche, des rendements significativement plus élevés (p-value < 0,05) ont été observés à pour densité de 11,9 kg·ha^{-1}. Une analyse par imagerie par drone sera effectuée en 2025 pour évaluer l'effet de la densité de semis sur le recouvrement du sol.

3 - Biorétention: Et si on pouvait faire mieux ? Rétention de l'eau, croissance des plantes et évapotranspiration.

Lucie Pedneault[1], Ann-Catherine Laliberté[1], Geneviève Pelletier[2], Sophie Duchesne[3], Guillaume Grégoire[1]

[1]Centre de recherche et d'innovation sur les végétaux, Département de phytologie, Université Laval, [2]Département de génie civil et génie des eaux, Université Laval, [3]Centre Eau, Terre Environnement, Institut National de la Recherche

Les systèmes de biorétention sont de plus en plus utilisés dans les municipalités québécoises. Ils permettent de retenir les eaux de pluie pendant une courte période (de quelques minutes à 24h) afin de soulager les réseaux d'égouts pluviaux. Or, une durée de rétention plus grande dans le système végétalisé pourrait améliorer sa performance hydrologique et la croissance des végétaux.

Dans une serre, quatre espèces de vivaces (*Deschampsia cespitosa, Hemerocallis fulva, Nepeta faassenii* et *Iris versicolore*) ont été plantées dans des mésocosmes munis d'un tuyau de drainage contrôlé par une valve. Quatre cycles de croissance (périodes de rétention de 0, 24, 48 ou 96 h espacées de14 jours) ont été effectués, suivis de 3 cycles de pluies simulées (25 mm d'eau en 32h). La croissance des végétaux (hauteur et largeur) a été mesurée à chaque cycle alors que l'eau drainée a été récoltée et mesurée après chaque période de rétention et durant chaque épisode de pluie.

Les résultats préliminaires montrent qu'une durée de rétention plus longue améliore la performance hydrologique du système en réduisant les volumes d'eau lessivée. Les espèces de végétaux ont cependant des capacités différentes à supporter la saturation en eau et les conditions de sécheresse entre les évènements.

4 - Leveraging Plant-Soil Interactions to Increase Soil Microbial Community Resilience to Variable Precipitation

Deniz Dutton[1], Cynthia Kallenbach[1], Mary-Cathrine Leewis[2]

[1]McGill University, [2]Agriculture and Agri-Food Canada

Agricultural systems in northeastern North America are experiencing increased flooding and drought episodes due to climate change, negatively affecting yields and microbe-mediated processes that support plant and soil health, especially in combination with intensive monoculture-based agriculture. Implementing higher crop diversity through intercropping and substituting annual wheat with perennial wheat may help mitigate the impacts of precipitation changes by increasing the diversity of the soil microbial community as well as its resilience to water stress. We collected soil and plant samples from a crop diversity gradient (1 species - 4 intercropped species) under ambient, elevated (+30%), or reduced (-30%) precipitation, replicated 4 times (n = 72). We extracted gDNA from the bulk soil as well as the rhizosphere soil of spring wheat and Kernza® (Thinopyrum intermedium) for 16S rRNA gene and ITS region amplicon sequencing to determine the composition of the microbial community. Abundance of bacteria, fungi, and arbuscular mycorrhizal fungi was determined using qPCR, and the functional potential of the microbial community was assessed with community catabolic profiling. Results on microbial community structural and functional resilience in response to different cropping systems will be discussed, as well as implications of the findings for the persistence of soil organic matter.

5 - Cultiver autrement : valoriser les résidus serricoles comme composante de substrats de culture et source fertilisante

Daphnée Thibodeau[1], Thi Thuy An Nguyen[1], Annie Bregard[1], Martine Dorais[1]

[1]Université Laval - CRIV

La production serricole occupe une place grandissante dans le paysage agricole québécois, mais l'enjeu que représente la gestion des résidus de culture demeure. C'est le cas en particulier pour la culture de la tomate qui génère à elle seule 4,5 tonnes de feuilles par hectare chaque semaine. Pour répondre à cet enjeu, ces feuilles riches en éléments nutritifs ont été valorisées en divers produits à usage agricole. Deux essais ont été menés afin de tester ces intrants et d'en évaluer les performances. Le premier, un test d'incubation *in vitro* de 63 jours, a permis de caractériser la dynamique de minéralisation des intrants et propriétés physico-chimiques des substrats ainsi que l'évolution de l'activité microbienne du milieu. Les résultats ont montré des taux de minéralisation similaires entre la farine de feuilles de tomate et un fertilisant de fumier de poule. Un deuxième essai, mené en serre, a permis d'évaluer le potentiel fertilisant de ces intrants sur la croissance et la productivité de la laitue frisée. Les résultats ont confirmé que l'application de farine de feuilles de tomate comme source fertilisante permettait d'obtenir une croissance et un rendement équivalents à ceux observés avec un fertilisant d'origine animale, mettant en évidence son potentiel agronomique.

6 - Multi-Omics Dissection of Bacillus-Soybean Interactions: Proteome Remodelling and Metabolite-Mediated Antagonism of Fusarium oxysporum

Haleema Tariq[1], Donald Smith[1]

[1]McGill University

The phytopathogen *Fusarium oxysporum* poses a major threat to soybean (*Glycine max*) production, and its chemical control raises environmental concerns. Beneficial members of the soybean root phytomicrobiome, particularly *Bacillus* species, offer eco-friendly alternatives for plant protection and growth enhancement. In this study, three *Bacillus* strains (HT1, HT2, and HT3) isolated from the soybean root microbiome were evaluated for their dual roles in plant growth promotion and antifungal activity. Scanning electron microscopy showed that antagonistic strains inhibited *F. oxysporum* hyphal development, while non-antagonistic isolates did not. Untargeted LC-MS/MS metabolomic profiling revealed that antagonistic *Bacillus* strains secreted numerous antifungal metabolites, including bacillibactin, surfactin C, fusidic acid, kynurenine, and antifungal fatty acids. Shotgun proteomic analysis of soybean leaves inoculated with these strains showed strain-specific effects on host physiology: HT1 and HT2 enhanced cellular organization, microtubule dynamics, and organelle functions, whereas HT3 promoted photosynthesis and chloroplast organization. Key proteins such as anthranilate synthase and proteasome subunit α type were differentially abundant, suggesting modulation of auxin biosynthesis and ubiquitin-proteasome regulation. Together, these results reveal that *Bacillus* endophytes employ coordinated proteomic and metabolomic strategies to stimulate soybean development and suppress fungal pathogens, offering sustainable solutions for crop productivity.

7 - Effects of seeding rate and row spacing on plant development, incidence of mildew and seed yield of quinoa

Ardavan Rasouli[1], Maude Langelier[1], Philippe Seguin[2], Bérenger Bourgeois[1]

[1]ULaval, [2]McGill University

Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) is an increasingly recognized crop for its resilience and adaptability, yet agronomic practices for optimizing its production remain underexplored in Eastern Canada. To address this gap, field trials have been conducted at Université Laval (Saint-Augustin-de-Desmaures, QC) and McGill University (Macdonald Campus, QC) from 2022 to 2025. Treatments included two row spacings (18 cm and 72 cm), two seeding rates (5 and 10 kg/ha), and two cultivars. Key response variables included plant development, mildew incidence, lodging, and grain yield.

Results from our trials showed that higher seeding rates consistently increased plant density and were generally associated with greater yields. The effect of row spacing, however, varied by site and year: in some cases, wider rows favored yield and reduced mildew incidence, while in others, narrower rows were associated with better productivity. Varieties differed in their growth and susceptibility to lodging and mildew, with performance shifting across environments, underscoring the need for multi-year, multi-site trials to identify robust management strategies for quinoa in Quebec.

This research contributes to developing region-specific agronomic recommendations and supports the sustainable integration of quinoa into diversified cropping systems in Quebec and beyond.

8 - Strigolactone-deficient Nicotiana benthamiana mutants combine compact architecture and metabolic reprogramming for next-generation plant biofactories

Kristina LeBreux[1], Béatrice Giroux[1], Louis Feyzeau[1], Marie-Claire Goulet[1], Charles Goulet[1], Dominique Michaud[1]

[1]Université Laval

Compact plant architecture is a key target for adapting *Nicotiana benthamiana* to space-efficient molecular farming. Using CRISPR-Cas9 knockouts of *ccd7* and *ccd8*, two genes of the strigolactone pathway, we developed ΔCCD lines combining compact growth with preserved biomass. These mutants exhibited reduced height and footprint but maintained leaf yields comparable to the LAB strain, while displaying favorable indices such as higher leaf-to-stem ratios and greater leaf area indices. Hormonal profiling confirmed elevated cytokinin levels and reduced auxin/cytokinin ratios, consistent with increased branching. Proteomic analyses revealed broad metabolic reprogramming, notably the upregulation of glycolytic and energy-related enzymes, in line with the expected effects of elevated cytokinin content in leaf tissue. Importantly, transient expression assays with GFP and rituximab showed unchanged recombinant protein yields per plant or per gram of leaf tissue, despite the altered architecture. Remarkably, Rubisco levels were strongly reduced upon agroinfiltration in all mutants, leading to a natural enrichment of recombinant proteins in leaf extracts, which may facilitate downstream purification. Taken together, these results demonstrate how architectural and metabolic traits can be engineered to tailor *N. benthamiana* for space-efficient molecular farming in controlled environments.

1 - Priestia megaterium: A Biocontrol Agent Against the Phytopathogens Clavibacter michiganensis and Streptomyces spp.

Audrey Bergeron[1], Karen Cristine Gonçalves Dos Santos[1], Lauriane Giroux[2], Isabel Desgagné-Penix[1], Hugo Germain[1]

[1]Université du Québec à Trois-Rivières, [2]Ulysse Biotech

Tomato and potato crops are susceptible to infections by various pathogens. To treat these infections, farmers often rely on chemical pesticides, which are harmful to plant ecosystems and consumers. Compared to pesticides, bacterial biocontrol agents demonstrate real potential while having a smaller ecological impact on the soil's microbial flora. *Priestia megaterium* is a biocontrol agent known for its inhibitory activity against various pathogens but has never been tested against the phytopathogens *Clavibacter michiganensis* and *Streptomyces spp.*, which infect the tomato and potato plants, respectively.

Antagonism assays using *Priestia megaterium* revealed that certain strains exhibit inhibitory activity against those phytopathogens. This observation raises the following question: what genetic elements of *P. megaterium* confer the antimicrobial activity?

First, Illumina sequencing confirmed that 14 strains were *P. megaterium*, where 7 strains exhibited inhibitory activity. Subsequently, comparative genomics analysis identified candidate genes encoding a bioactive compound included in the family of class I lanthipeptides, "epidermin-like" peptide. Moreover, RNA extraction will allow verification of the expression of these candidate genes. Finally, genetic knockout, using a transconjugation system, will demonstrate their antimicrobial potential.

In summary, this research aims to identify genetic traits of interest to improve a bacterial biocontrol consortium and reduce pesticide use.

2 - Redundancy in soybean resistance genes uncovered by NLR targeted capture and root transformation

Yanick Asselin[1], Adèle Deshaies[1], Lesley Milnes[2], Sangeeta Parthasarathy[1], Parthasarathy Santhanam[1], James Houghton[2], Vanessa Tremblay[1], Caroline Labbé[1], François Belzile[1], Kamil Witek[2], Richard Bélanger[1]

[1]Université Laval, [2]2Blades, The Sainsbury Laboratory

Effective management of Phytophthora root rot in soybean is compromised by the rapid loss of efficacy of the most widely deployed resistance genes to *Phytophthora sojae* (*Rps*). However, while some genes such as *Rps3a* and *Rps6* still offer a strong protection, they are nonetheless rare in elite material, probably because they have never been properly characterized. In this study, we have employed RenSeq and whole genome sequencing to unravel the nature of three *Rps* genes. Originally thought to be distinct genes on different chromosomes, we show that *Rps3c*, *Rps4* and *Rps6* are, in fact, the exact same resistance gene that recognizes the same effector, *Avr6*. In a cell death assay using soybean protoplasts, we show that one of the candidates from the cluster interacts robustly with *Avr6*. Transforming of the candidate gene into a susceptible root system confirmed its function and status as the *bona fide Rps6*. These results clarify a long-standing confusion regarding the identity of some elusive *Rps* genes and offer the precise sequence and position of *Rps6*. With these findings we raise some concerns about redundancy in reported *Rps* genes which should instill caution in using current *Rps* genes to ensure durable management of PRR.

3 - Impact de l'utilisation de bactéries bénéfiques sur la disponibilité de l'azote et du phosphore et l'expression des gènes impliquées dans le cycle du phosphore en gestion conventionnelle

Heidi Shore[1], An Nguyen Thi Thuy[1], Honoré Tekeu[1], Adam Barrada[1], Annie Brégard[1], Yves Hurtubise[2], Martine Dorais[1]

[1]Université Laval, [2]Ulysse Biotechnologies

Le phosphore (P) et l'azote (N) sont essentiels à la croissance des plantes, mais leur disponibilité limitée peut freiner leur développement. Les biostimulants à base de bactéries promotrices de croissance (PGPB) pourraient en améliorer la biodisponibilité, bien que leurs effets sur les cycles de l'N et du P restent peu étudiés. Cette recherche évalue l'impact de PGPB sur ces cycles chez la laitue mini romaine (cultivar Xalbadora), en lien avec l'application de triple super phosphate (TSP) comme source de P. Quatre traitements ont été comparés : sans phosphore (SP) et avec TSP, chacun avec (B) ou sans biostimulant (SB). Les plants traités avec biostimulnts ont reçu trois applications du produit Éra Boost Pro (Ulysse Biotechnologies). Des mesures ont été prises àsur des plants âgés de 35, 42, 49 et 56 jours. Les résultats indiquent que les plants traités avec TSP-B présentent une biomasse fraîche et sèche ainsi qu'un indice de croissance significativement supérieurs. Des différences significatives ont également été observées dans la disponibilité de l'N et du P dans les substrats et les feuilles. En conclusion, les PGPB améliorent la croissance et la physiologie des plantes, tout en favorisant une meilleure disponibilité des nutriments.

4 - Enrichissement du microbiome par l'hôte et phénotypage pour isoler de nouveaux consortia bactériens

Andréa Marini[1]

[1]Université de Sherbrooke

Un enjeu actuel de l'agriculture est d'augmenter les rendements tout en diminuant les apports en fertilisants chimiques azotés. La co-inoculation de rhizobia avec des bactéries favorisant la croissance des plantes a déjà montré ses bénéfices pour améliorer la nodulation, la fixation d'azote ou la croissance générale de légumineuses. Néanmoins, identifier des bactéries partenaires efficaces reste un défi face à la diversité microbienne du sol. Dans cette étude, nous avons testé une stratégie d'enrichissement du microbiome par l'hôte (HMME) assistée par du phénotypage sur le pois (*Pisum sativum*) associé à *Rhizobium leguminosarum*. En appliquant une carence azotée comme pression de sélection, nous avons utilisé les microbiomes de légumineuses sauvages du Québec adaptées à des sols pauvres comme inocula primaires. La performance des plantes a été évaluée avec l'indice de proche-infrarouge NDDA (*Normalized Difference of the Double-peak Areas*) indiquant la teneur en azote de leurs parties aériennes. Après plusieurs cycles de HMME, les communautés provenant des meilleurs plants ont été isolées et identifiées. Notre approche vise à encourager l'utilisation d'indices spectrométriques avec le HMME pour trouver rapidement de nouveaux consortia bactériens adaptés à une plante et zone géographique donnée. Fournissant ainsi des candidats pour le développement de biofertilisants pour une agriculture durable.

5 - How Much of the Soybean Microbiome Can We Capture? A Comparison Between Cultivable and Sequenced Diversity from Rhizosphere and Nodules

Nicolás Rodríguez-Romero[1], Isabelle Laforest-Lapointe[1], Pascale B. Beauregard[1]

[1]Université de Sherbrooke

Capturing the full extent of plant-associated microbes through cultivation remains a central challenge in microbiome studies. Soybeans (Glycine max) are one of the most important and rapidly expanding crops in Quebec. In this work, we present the first characterization of the soybean rhizosphere and nodule microbiome under both conventional and organic cropping systems in Quebec. We explored the bacterial communities, focusing on two contrasting environments, the rhizosphere and the nodule endosphere. Using 16S rRNA sequencing, we characterized the taxonomic diversity in both compartments. The rhizosphere displayed a rich and complex bacterial community dominated by members of Proteobacteria, Actinobacteria, and Bacteroidota. In contrast, the nodule was strongly dominated by Bradyrhizobium, with minimal representation of other taxa. Parallel to sequencing, we applied a high-throughput isolation approach to recover cultivable bacteria from both environments. While the cultivable diversity from the rhizosphere partially overlapped with the taxa identified by sequencing, the nodule isolates revealed unexpected diversity beyond Bradyrhizobium, including genera not detected by amplicon sequencing, such as Bacillus, Arthrobacter, Eubacter, Veillonella, Caulobacter, Devosia, and Shigella. Overall, this study highlights the complementarity between culture-dependent and -independent approaches and provides the first insight into the structure and cultivable potential of the soybean microbiome in Quebec.

6 - Les bleuets en corymbe bénéficient de rhizobactéries adaptées au milieu acide qui favorisent la croissance des plantes.

Ève-Marie Boudreau Forgues[1], Martine Dorais[1], Martin Filiion[2], Thi Thuy An Nguyen[1], Annie Brégard[1]

[1]Université Laval, [2]Université McGill

Dans une perspective d'agriculture durable, l'utilisation de rhizobactéries (PGPR) représente une stratégie intéressante pour optimiser les rendements, la nutrition des plantes, améliorer la qualité des fruits, modifier favorablement le microbiome du sol et réduire la dépendance aux intrants chimiques. Cette étude visait à démontrer que l'application de PGPR adaptées aux faibles pH peut avoir un effet bénéfique sur la disponibilité des éléments nutritifs dans le sol et la performance agronomique du bleuet en corymbe. Au sein d'une bleuetière commerciale (Charlesbourg, Qc), trois PGPR (*Bacillus velezensis* LBUM279, *Pseudomonas synxantha* LBUM223, et *Bacillus pumilus* LBUM494) ont été appliquées en consortium, en comparaison avec un témoin sans PGPR, sous deux régies de fertilisation (conventionnelle vs biologique). Sept jours après l'inoculation des PGPR, ceux-ci avaient colonisés la rhizosphère, comme l'a confirmé l'analyse par qPCR, attestant de leur présence persistante dans le microbiome. Les résultats ont montré que les rhizobactéries ont un impact plus marqué sur les bleuets en corymbe lorsqu'elles sont associées à une fertilisation biologique plutôt qu'à une fertilisation conventionnelle. Une augmentation de 22 % des rendements a été observée pour les cultivars Duke et Patriot cultivés sous fertilisation biologique avec inoculation de PGPR, sans effet sur le cultivar Blueray.

7 - Caractérisation de la résistance variétale au syndrome de mort subite du soja (Fusarium virguliforme) chez les cultivars de soja (Glycine max) à maturité hâtive (MG 000 à 0)

Luc Lapierre[1, 2], Jacqueline Bede[2], Tanya Copley[1]

[1]CÉROM, [2]McGill

Le syndrome de la mort subite du soya (SMS), causé par *Fusarium virguliforme*, est une maladie transmise par le sol qui peut provoquer la pourriture des racines, la sénescence foliaire et, dans les cas graves, la mort prématurée des plants. Le SMS figure parmi les quatre principales maladies responsables de pertes de rendement au nord des États-Unis et en Ontario. La résistance variétale constitue un moyen de lutte efficace, mais les cultivars hâtifs adaptés à la photopériode du Québec demeurent peu étudiés. Pour actualiser les connaissances sur les loci de résistance dans ces groupes de maturité, un essai de résistance racinaire au SMS a été mené sur une population hâtive (MG000 à MG0) provenant du Germplasm Resource Information Network (GRIN) (n = 198). Les données phénotypiques issues de cet essai servent de base à une étude d'association pangénomique (GWAS), visant à identifier des loci et gènes candidats de résistance présents dans le germoplasme hâtif disponible publiquement. Les résultats préliminaires permettront, lors de la Journée du Centre SÈVE 2025, de présenter des lignées d'introduction prometteuses ainsi que des loci candidats de résistance au SMS.

8 - Viromes des insectes prédateurs et prédiction des épidémies virales en viticulture : vers un modèle bayésien de gestion des risques

Émilie Beauregard[1, 2], Pierre Lemoyne[2], Vahid Jalali Javaran[1, 2], Jacob Lévesque[1, 2], Olivier Goulet[1, 2], Pierre Dutilleul[3], Peter Moffett[1], Mamadou Lamine Fall[2]

[1]Université de Sherbrooke, [2]AAC, [3]McGill University

Les épidémies virales sont de plus en plus fréquentes en viticulture et dans toutes les régions viticoles du monde. Plusieurs facteurs biotiques, environnementaux et sociaux gouvernent le déclenchement de ces épidémies, ce qui rend leur prévision difficile. Afin de mieux prédire et anticiper les épidémies virales, il est crucial d'identifier les facteurs de risques déterminants au développement de ces épidémies. Pour ce faire, nous avons étudié plusieurs facteurs de risques d'épidémies virales, notamment les viromes des insectes prédateurs et phytophages. Au sein de trois sites distincts, une multitude d'insectes ont été échantillonnés, identifiés, puis leur ARN double brin a été extrait et séquencé afin de caractériser les viromes. Nos résultats préliminaires révèlent plusieurs espèces de virus de la vigne chez les insectes prédateurs. Ces résultats suggèrent qu'il serait plus efficace de caractériser le virome des insectes prédateurs plutôt que celui de tous les insectes phytophages, qui sont très diversifiés, afin de capturer l'ensemble de la diversité virale de manière plus ciblée. Ces facteurs de risques serviront dans un modèle bayésien (BBN) afin de prédire les épidémies virales en viticulture, permettant aux viticulteurs d'anticiper et de prendre des mesures préventives afin de minimiser les risques de développement de ces épidémies.

1 - Effets des stress biotiques et abiotiques sur la production d'alcaloïdes chez Catharanthus roseus

Mario Sanchez[1], Hugo Germain[1]

[1]Université du Quèbec à trois rivieres

Catharanthus roseus, une plante d'abord perçue comme ornementale grâce à ses belles fleurs roses ou blanches, est en réalité précieuse aux yeux des chercheurs en raison de sa capacité à produire des alcaloïdes indoliques. Parmi la centaine d'alcaloïdes qu'elle synthétise, deux ont particulièrement retenu l'attention pour leur pouvoir contre les cellules cancéreuses. Toutefois, comme tout métabolite secondaire, leur production reste faible, car elle demande beaucoup d'énergie à la plante et n'est mobilisée que dans le cadre de mécanismes de défense.

Mon travail vise à démontrer si une bactérie, un virus ou une exposition à la lumière dans le spectre du rouge lointain peuvent déclencher cette réponse immunitaire. Pour évaluer l'effet de ces stress, nous allons quantifier la vindoline, la catharanthine et la sécologanine dans deux génotypes de la plante : un mutant provenant de l'Université McGill et le type sauvage. Nous chercherons à déterminer si les deux génotypes réagissent de la même manière.

L'objectif ultime est d'évaluer si l'élicitation au niveau de la plante pourrait permettre d'augmenter la production de ces précieux métabolites ou si une autre approche serait nécessaire.

2 - Évidence du rôle de l'épissage alternatif dans la résistance aux strobilurines chez le complexe d'espèces Colletotrichum acutatum

Joëlle Plamondon[1, 2, 3, 4], Rebecca Duplain[1, 2, 3, 4], Benjamin Cinget[1, 2, 3, 4], Richard Bélanger[1, 2, 3, 4]

[1]Université laval, [2]Faculté des sciences, de l'agriculture et de l'alimentation, [3]Département de phytologie, [4]CRIV

La résistance aux strobilurines est généralement attribuée à des mutations du gène du cytochrome *b*, cible de cette famille de fongicide. Toutefois, cette explication ne peut être attribuée à tous les cas de résistance des champignons phytopathogènes. C'est le cas de *Colletotrichum fioriniae*, du complexe d'espèces *Colletotrichum acutatum*, qui présente plusieurs cas de résistance alors que de telles mutations sont absentes, suggérant l'existence de mécanismes alternatifs. Ce projet avait pour objectifs (1) la sélection d'isolats de *C. acutatum* et *C. fioriniae* présentant une sensibilité phénotypique et un génotype contrastant, se basant sur des courbes dose-réponse et le séquençage du cytochrome *b*; (2) l'analyse de l'expression des gènes par RNA-seq après l'exposition à un traitement de strobilurine; (3) l'analyse des régulations post-transcriptionnelles. Outre l'observation de différences importantes au niveau transcriptomique entre les isolats et les traitements, les résultats ont révélé un mécanisme inédit : une régulation différenciée de l'épissage alternatif dépendante des conditions de traitement. Ce champ émergeant de l'étude des résistances fongiques a permis de mettre en évidence la régulation de gènes homologues entre les deux espèces et des gènes clés du métabolisme cible des strobilurines. Enfin, ces résultats ouvrent de nouvelles perspectives pour la gestion durable des agents pathogènes agricoles.

3 - Caractérisation de la réorganisation des réseaux géniques par SUMOylatio en réponse au stress de haute température chez Oryza sativa.

Gabriel Marcotte[1], Laurent Cappadocia[1], Zoé Joly Lopez[1], Olivia Wilkins[2]

[1]Université du Québec à Montréal (UQAM), [2]University of Manitoba (UManitoba)

L'intensification des événements de chaleur extrêmes entraîne de lourdes pertes agricoles compromettant la sécurité alimentaire mondiale. Élucider les mécanismes moléculaires permettant aux plantes de résister au stress de haute température (SHT) est donc primordial. La SUMOylation est une modification post-traductionnelle des protéines impliquée dans la réorganisation des réseaux de régulation génique (RRG). Cette modification repose sur une cascade enzymatique impliquant des SUMO E3 ligases couplant ainsi la protéine SUMO à une protéine cible. Une surexpression d'une des familles d'E3, les protéines SIZ, est associée à une plus grande résistance aux SHT. Cependant, l'identité des facteurs de transcription (FT) régulés par SUMOylation reste méconnue, tout comme les déterminants moléculaires de l'interaction SIZ/FT/ADN. Ce projet évalue la contribution de la SUMOylation aux RRG du riz cultivé en conditions de SHT au moyen d'analyses génomiques et transcriptionnelles. Celles-ci permettront d'établir l'identité des FT régulés par SUMOylation, et les voies qu'ils régulent. Les interactions entre les protéines SIZ et les FT candidats seront étudiées par des approches de biologie structurale computationnelle et les modèles d'interaction seront confirmés biochimiquement lors d'essais *in-vitro*. Mieux comprendre le lien entre la SUMOylation et les RRG du riz cultivé facilitera la sélection de cultivars plus résistants face au SHT.

4 - Diversité et dynamique d'un virus en expansion: Nepovirus lycopersisci

Florence Mc Duff[1, 2], Pierre Lemoyne[2], Alphonse Birane Thiaw[1, 2], Abdonaser Poursalavati[1, 2], Peter Moffett[1], Mamadou Lamine Fall[2]

[1]Université de Sherbrooke, [2]Agriculture et Agroalimentaire Canada

Nepovirus lycopersici, l'agent causal de la maladie de la tache annulaire de la tomate, est un enjeu grandissant en viticulture et production de petits fruits. Détectée pour la première fois dans la vigne au Québec en 2017, sa prévalence est en expansion à travers les vignobles de la province ainsi qu'en culture fruitière (bleuet, framboise). La détection préventive est ardue compte tenu des symptômes de la maladie variant selon les cépages et les vignobles. Ce projet vise à mieux comprendre la répartition du virus au Québec, à évaluer sa diversité génétique et à identifier les haplotypes à haut risque en termes de pertes de rendement. À l'aide de 14 vignobles dans 5 régions administratives, des facteurs environnementaux aggravants ont été identifiés, soit le degré-jour de chauffage et la précipitation totale au courant de la saison. Des données génétiques ont également été obtenues, dont l'identification de 37 SNP pouvant avoir un impact sur les différents symptômes observés au Québec. La prochaine étape est d'établir les liens entre les haplotypes et la sévérité de la maladie (symptômes et rendement). Cette identification permettra la mise en place d'un outil diagnostique ciblant ces haplotypes et servira d'aide à la décision pour les vignerons affectés.

5 - L’immunité en phase aqueuse : la perception de l’eau apoplasmique

Faye Gaudreault-Lafleur[1]

[1]Université de Sherbrooke

L’infection foliaire par des bactéries pathogènes repose sur un élément clé : l’eau. Ces bactéries colonisent l’espace extracellulaire des tissus végétaux (l’apoplasme), un espace naturellement pauvre en nutriments, qu’elles rendent favorable à leur croissance en y détournant de l’eau. Ce rôle central de l’eau a mené à une question : si l’apoplasme enrichi en eau favorise l’infection, la plante aurait-elle évolué des mécanismes pour percevoir cette eau comme un signal de danger ? Mes résultats préliminaires soutiennent cette idée. Nous avons conçu un modèle expérimental maintenant artificiellement un état d'hydratation dans l'apoplasme. Nous avons constaté que ce traitement induit des réponses de défense typiques et peut conférer une résistance à une infection ultérieure par *Pseudomonas syringae*. Nous testons actuellement deux hypothèses pour expliquer ces observations : l’eau faciliterait la libération de motifs bactériens par les endophytes, perçus ensuite comme signaux de danger ; et/ou elle provoquerait un stress osmotique perturbant les tissus, activant ainsi les voies de défense. Dans les deux cas, cette perception conduit à l’activation de gènes de défense et, comme observé, à l’acquisition d’une résistance accrue. Ce projet propose donc un nouvel angle sur l’immunité végétale, explorant l’eau comme signal central de la lutte plante-microorganisme.

6 - One Protein, Two Enzymes: A Cytosolic Aldolase with Glutaredoxin Activity Challenges the One Enzyme One Function Paradigm

Charlie Boutin[1]

[1]Université de Montréal

The classical “one gene, one enzyme, one function” paradigm has long shaped molecular biology, yet many proteins are now recognized as moonlighting enzymes with additional functions. Here, we show that a cytosolic fructose 1,6-bisphosphate aldolase from *Arabidopsis thaliana* is a rare “two-in-one” enzyme with both metabolic and redox functions. We found that aldolase could remove a glutathione modification from itself (a process called deglutathionylation) even in the absence of glutaredoxin, revealing a built-in redox activity that challenges current models of protein deglutathionylation. Sequence analyses uncovered a motif similar to those of glutaredoxins, and site-directed mutagenesis confirmed that a specific cysteine is required for the redox activity but dispensable for glycolytic function, thereby uncoupling the two activities. Importantly, this motif is conserved across land plant aldolases, suggesting that the dual role is evolutionarily widespread. Together, these findings uncover a new mechanism of protein deglutathionylation and reveal how redox regulation has become integrated with central metabolism in plants.

7 - Investigation of the initial steps in Cherylline alkaloid biosynthesis in Crinum x. powellii

S. Mahsa Hashemian[1], Natacha Merindol[1], Isabel Desgagné-penix[1]

[1]Department of Chemistry, Biochemistry and Physics, Université du Québec à Trois-Rivières, Trois-Rivières, QC, Canada

Cherylline, a unique type of Amaryllidaceae alkaloid (AA), has demonstrated antiviral activity against Zika and dengue viruses. While its biosynthetic pathway is presumed to follow the general AA framework, it remains largely uncharacterized. This study investigates the initial steps of cherylline biosynthesis, focusing on the formation of its first intermediates. We analyzed homologs of Norcraugsodine reductase (NR) and Norbelladine synthase (NBS) in the cherylline-producing species *Crinum x. powellii* and compared their activity to homologs in non-cherylline-producing species *Narcissus papyraceus*. *In vitro* and *in vivo* assays revealed that the *C. x powellii* NBS homolog exhibits distinct catalytic properties compared to its *N. papyraceus* counterpart, suggesting functional divergence in AA biosynthesis. This comparative analysis provides insights into key enzymatic differences underlying cherylline production. Additionally, we explore putative biosynthetic pathways, emphasizing norbelladine and its methylated derivatives as critical intermediates. These findings may support the development of sustainable production strategies for cherylline and related AAs, advancing their potential pharmaceutical applications.

8 - Multi-transcriptomique : une stratégie gagnante dans l'étude d'une endoribonuclease chez Arabidopsis

Aude POUCLET[1], David Pflieger[2], Remy Merret[2], Marlene Schiaffini[2], Hélène Zuber[2], Dominique Gagliardi[2], Damien Garcia[2]

[1]Université de Sherbrooke, [2]IBMP, CNRS UPR2357

Le *decapping* est une étape cruciale dans la dégradation des ARNm chez les eucaryotes et nécessite la formation d'un complexe entre DCP2 et ses partenaires DCP1 et VCS. Chez *Arabidopsis*, l'endoribonucléase DCP1-ASSOCIATED-NYN-ENDORIBONUCLEASE-1 (DNE1) est un partenaire protéique direct de DCP1. La fonction de DNE1, tout comme celle du *decapping*, est nécessaire au maintien de la phyllotaxie, c'est-à-dire la régularité de l'émergence des organes aériens. Dans cette étude, nous avons combiné quatre approches transcriptomiques afin d'étudier son importance dans la régulation de l'expression des gènes et identifier les ARNm ciblés directement par DNE1. Grace à ses approches nous montrons que DNE1 entre en contact avec les ARNm et les clive principalement dans la séquence codante. Nous avons également identifié que ses cibles sont enrichies pour certaines caractéristiques, incluant Gquadruplexes et upstreamORF traduites. Cette étude montre aussi que les cibles de DNE1 sont ciblées par le *decapping* et que ces deux voies de dégradation influencent la production de petits ARN. Ce travail constitue une avancée majeure dans la compréhension du mode d'action de DNE1 et ouvre des perspectives concrètes dans l'élucidation du rôle de la dégradation des ARN dans la phyllotaxie, ou encore dans la découverte de voies de dégradation inédites.