

Résumés des communications Paper Session Abstracts

Volume 92, Number 1, 2012

URI: <https://id.erudit.org/iderudit/1013340ar>

DOI: <https://doi.org/10.7202/1013340ar>

[See table of contents](#)

Publisher(s)

Société de protection des plantes du Québec (SPPQ)

ISSN

0031-9511 (print)

1710-1603 (digital)

[Explore this journal](#)

Cite this document

(2012). Résumés des communications. *Phytoprotection*, 92(1), 44–48.
<https://doi.org/10.7202/1013340ar>

Résumés des communications / Paper Session Abstracts

Effets antagonistes *in vitro* de microorganismes bactériens du sol envers *Phytophthora infestans*, l'agent de la brûlure tardive de la pomme de terre

P. Audy¹, S.M. Boyetchko², C. Le Floch-Fouéré³ et K. Sawchyn². ¹Centre de recherche et de développement sur les sols et les grandes cultures, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Québec (Québec), Canada G1V 2J3; ²Centre de recherches de Saskatoon, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Saskatoon (Saskatchewan), Canada S7N 0X2; ³Institut national de la recherche agronomique (INRA), Agrocampus Ouest, Rennes, France F-35042

La brûlure tardive de la pomme de terre (*Solanum tuberosum* L.), causée par *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary, est l'une des plus importantes maladies végétales, causant des pertes économiques et des coûts d'intervention estimés à près de 3 milliards \$ annuellement. De nombreuses applications de pesticides en fonction de la pluviométrie et de la température sont nécessaires tout au long de la saison de croissance pour prévenir l'apparition et le développement de la maladie. Les défis environnementaux grandissants et la préférence de plus en plus marquée du public pour des denrées agricoles produites avec un minimum d'intrants chimiques sont des incitatifs significatifs pour le développement d'approches biologiques de lutte. Près de 50 isolats bactériens ont été évalués *in vitro* pour leur capacité d'inhibition envers chacun des deux types sexuels de *P. infestans* (A₁ et A₂). Plusieurs de ces isolats bactériens ont présenté divers degrés d'activité antifongique *in vitro* envers *P. infestans*, mesurés par la zone d'inhibition ou de suppression de la croissance mycélienne après 7 j en milieu de culture. Les meilleurs candidats bactériens ont été évalués dans un test *in vivo* consistant à tremper une feuille de pomme de terre dans une suspension bactérienne suivi, 24 h plus tard, d'une inoculation avec des zoospores de *P. infestans*. Le développement de symptômes de brûlure sur le feuillage a été mesuré 4, 5 et 6 j suivant l'inoculation. Les résultats préliminaires montrent que deux des isolats bactériens retardent la progression de la maladie causée par le type sexuel A₁ de *P. infestans* alors que cinq isolats ralentissent le développement de symptômes occasionnés par le type sexuel A₂. Ces résultats sont prometteurs considérant que les conditions utilisées pour le test avec les feuilles détachées favorisaient pleinement la progression du *P. infestans* au détriment des agents bactériens antagonistes. Des travaux supplémentaires sont nécessaires pour améliorer la formulation qui assurera la croissance et la survie des agents bactériens sur le feuillage.

Concentrations de pollen d'*Ambrosia artemisiifolia* en milieu urbain et en zone agricole avoisinante

D.L. Benoit¹ et M.-J. Simard². ¹Agriculture et Agroalimentaire Canada, Centre de recherche et de développement en horticulture, Saint-Jean-sur-Richelieu (Québec), Canada J3B 3E6; ²Agriculture et Agroalimentaire Canada, Centre de recherche sur les sols et les grandes cultures, Québec (Québec), Canada G1V 2J3

Entre 2007 et 2010, les concentrations de pollen d'herbe à poux (*Ambrosia artemisiifolia*) ont été mesurées dans des milieux urbains et des zones agricoles avoisinantes à Salaberry-de-Valleyfield (SdV) et Saint-Jean-sur-Richelieu (SJsR) pendant 12 j consécutifs en août. Un contrôle plus ciblé de l'herbe à poux a été effectué à SdV à partir de 2008 (mobilisation de différents intervenants) alors que SJsR (la ville témoin) a effectué une gestion courante de son territoire. Chaque ville était divisée en secteurs d'une superficie de 1,5 km² dans lesquels trois capteurs Rotorod par habitat urbain (résidentiel, aménagé, industriel et perturbé) étaient installés à une hauteur de 1,5 m. Un capteur était installé à une hauteur de 15 m (indicateur régional) et deux capteurs étaient localisés dans des champs (maïs et soya). Un échantillonnage journalier de 10 min h⁻¹, répété cinq fois entre 7 h 00 et 12 h 00, était effectué. En 2007, les concentrations de pollen n'étaient pas significativement différentes entre les deux villes, mais les habitats l'étaient ($P < 0,05$). En 2010, les concentrations étaient significativement différentes entre les villes et les habitats. Les concentrations de pollen observées en zone agricole étaient généralement similaires aux concentrations en milieu urbain, sauf sur les sites perturbés où elles étaient plus élevées.

Présence d'*Ambrosia artemisiifolia* en milieu urbain en fonction des types d'habitat

D.L. Benoit¹ et M.-J. Simard². ¹Agriculture et Agroalimentaire Canada, Centre de recherche et de développement en horticulture, Saint-Jean-sur-Richelieu (Québec), Canada J3B 3E6; ²Agriculture et Agroalimentaire Canada, Centre de recherche sur les sols et les grandes cultures, Québec (Québec), Canada G1V 2J3

Entre 2007 et 2010, les populations d'herbe à poux (*Ambrosia artemisiifolia*) dans différents habitats urbains ont été inventoriées dans la ville de Salaberry-de-Valleyfield (SdV), qui avait un projet de mobilisation municipale pour contrôler cette mauvaise herbe, et dans une ville témoin, Saint-Jean-sur-Richelieu (SJsR), où une gestion courante du territoire était effectuée. Les différents habitats urbains étaient de type résidentiel, aménagé, industriel ou perturbé. Chaque ville était divisée en secteurs d'une superficie de 1,5 km² dans lesquels trois points aléatoires par habitat et par secteur étaient choisis. À chaque point, l'herbe à poux était comptée dans

deux quadrats de 50 cm x 50 cm, l'un étant positionné au hasard et l'autre se situant dans un rayon de 3 m du premier où l'herbe à poux était présente. Une analyse factorielle de variance a été réalisée sur les données transformées ($\ln(\sqrt{x+0,5}+1)$). Il n'y avait pas de différence significative de densité d'herbe à poux entre 2007 et 2010 à SJsR. En revanche, le contrôle plus assidu de l'herbe à poux dans le cadre de la mobilisation a eu un effet significatif sur les densités d'herbe à poux à SdV. Les plus hautes densités ont été observées dans les zones industrielles et les dépôts à neige.

Détection spécifique du genre et d'espèces *Phytophthora* basée sur des différences dans l'ordre des gènes mitochondriaux à l'aide de la PCR en temps réel en multiplexe

G.J. Bilodeau^{1,2}, F.N. Martin², M.D. Coffey³ et C. Blomquist⁴. ¹Agence canadienne d'inspection des aliments, Ottawa (Ontario), Canada K2H 8P9; ²United States Department of Agriculture–Agricultural Research Service (USDA-ARS), Salinas (Californie), États-Unis 93905; ³Department of Plant Pathology and Microbiology, University of California, Riverside (Californie), États-Unis 92521; ⁴California Department of Food and Agriculture, Plant Pest Diagnostics Branch, Sacramento (Californie), États-Unis 95832

Le genre *Phytophthora*, bien connu pour causer des maladies en agriculture et dans les écosystèmes forestiers, comprend plus d'une centaine d'espèces. Les outils de diagnostic rapide sont essentiels pour détecter et contrôler la propagation de ces agents pathogènes. Cependant, les marqueurs moléculaires utilisés n'identifient généralement qu'une seule espèce et ne permettent pas de dire si d'autres *Phytophthora* pourraient être présents; habituellement, ils ne sont spécifiques que s'ils sont soumis à un contrôle précis de la température d'appariement. Pour augmenter la spécificité, la recherche de marqueurs basée sur des différences dans la position des sites d'appariement des amorces est utilisée. Des différences dans l'ordre des gènes du génome mitochondrial de *Phytophthora* sont comparées avec ceux des *Pythium* et des plantes pour le développement d'amorces qui n'amplifieront que les *Phytophthora*. Des sondes TaqMan pour le genre *Phytophthora* et des sondes spécifiques à différentes espèces peuvent être amplifiées par PCR en temps réel dans la même réaction. Sur trois régions identifiées, deux permettent la conception d'outils de détection du genre et sont spécifiques à plus de 65 espèces. Validé sur une collection représentant plus de 94 *Phytophthora* connus, *Pythium* et plantes, le test en multiplexe a été testé pour 14 différentes sondes spécifiques d'espèces, incluant le *P. ramorum* et le *P. kernoviae*, et validé avec différents échantillons de terrain.

Caractérisation d'une souche de *Streptomyces* antagoniste *in vitro* à *Phytophthora megakarya*, agent pathogène responsable de la pourriture brune des cabosses de cacaoyer (*Theobroma cacao*)

T. Boudjeko^{1,2}, J.A. Tchatchou Nana et C. Beaulieu². ¹Laboratoire de Phytoprotection et Valorisation des Ressources Végétales, Centre de Biotechnologie, Université de Yaoundé, Yaoundé, Cameroun; ²Centre SÉVE, Département de biologie, Université de Sherbrooke, Sherbrooke (Québec), Canada J1K 2R1

La culture du cacao (*Theobroma cacao*) au Cameroun représente près de 30 % des exportations directes non pétrolières et génère plus de 215 millions \$ CAN de revenus par an à près de 600 000 producteurs. Dans la région de l'Afrique centrale, la cacaoculture est confrontée à la pourriture brune des cabosses causée par le *Phytophthora megakarya* (Pm). Du fait de leur pouvoir antagoniste vis-à-vis des agents pathogènes, les actinomycètes peuvent être utilisés dans des stratégies de lutte contre cette maladie pour laquelle la résistance génétique semble peu efficace. Récemment, nous avons isolé dans la région de Yaoundé une souche (JJY4) de *Streptomyces* capable d'inhiber *in vitro*, par antibiose, la croissance du Pm. L'objectif de ce travail était d'effectuer une étude taxonomique de JJY4, d'isoler la molécule antibiotique produite et de l'identifier. L'étude taxonomique a été menée sur différents aspects. JJY4 présente des marqueurs morphologiques, phénotypiques et microscopiques qui laissent supposer qu'elle puisse être une espèce nouvelle du clade de *Streptomyces violaceusniger*. Le séquençage de l'ADNr 16S montre que JJY4 forme, avec *S. malaysiensis*, une sous-classe distincte. Les analyses visant l'isolement et la caractérisation de la molécule antibiotique montrent que JJY4 sécrète deux molécules (ou groupes de molécules) qui inhibent le Pm *in vitro*.

Impact des changements climatiques sur cinq ennemis des cultures au Québec

A.-É. Gagnon^{1,2}, M. Roy², L. Bourdages¹, G. Bourgeois³ et A. Blondlot¹. ¹Ouranos, Montréal (Québec), Canada H3A 1B9; ²Direction de la phytoprotection, Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec, Québec (Québec), Canada G1P 3W8; ³Agriculture et Agroalimentaire Canada, Centre de recherche et de développement en horticulture, Saint-Jean-sur-Richelieu (Québec), Canada J3B 3E6

Les insectes, les agents pathogènes et les mauvaises herbes sont des organismes sensibles aux variations climatiques. Les scénarios climatiques pour l'été dans le sud du Québec projettent un réchauffement de 2 à 3 °C et sans aucun changement significatif pour les précipitations en 2050. Cette étude vise à évaluer l'impact des changements climatiques sur cinq ennemis des cultures : le doryphore de la pomme de terre (*Leptinotarsa decemlineata*), la pyrale du maïs (*Ostrinia nubilalis*), la punaise terne (*Lygus lineolaris*), la fusariose de l'épi (*Fusarium graminearum*) et

l'herbe à poux (*Ambrosia artemisiifolia*). Des scénarios climatiques régionaux basés sur trois indices bioclimatiques spécifiques aux espèces ont été élaborés pour l'horizon 2050. La détermination des analogues spatiaux s'est ensuite effectuée en repérant les régions des États-Unis où le climat actuel a des similitudes avec le climat futur projeté du Québec. Ainsi, le climat de la Montérégie en 2050 pourrait ressembler à celui des États de l'Iowa, du Nebraska et de l'Ohio. Les changements climatiques pourraient intensifier la pression des ennemis des cultures en augmentant le nombre de générations par année ou en favorisant une progression des populations vers le nord. L'analyse des mesures prises dans les régions analogues pour contrer ces ennemis permettra d'énoncer des recommandations pour élaborer une stratégie d'adaptation aux changements climatiques en phytoprotection.

Impacts des traitements de lutte au nématode doré sur les populations bactériennes du sol

R. Hogue¹, T. Jeanne¹, N. Dauphinais² et G. Bélair². ¹Institut de recherche et de développement en agroenvironnement (IRDA), Québec (Québec), Canada G1P 3W8; ²Agriculture et Agroalimentaire Canada, Saint-Jean-sur-Richelieu (Québec), Canada J3B 3E6

Afin de prévenir l'envahissement et la prolifération des populations du nématode doré (*Globodera rostochiensis*) de la pomme de terre (*Solanum tuberosum*) dans le sol, trois traitements d'amendement (urée, fumier de poulet et fraction solide de lisier de porc) et un traitement de biofumigation ont été évalués dans le contexte d'une culture de rotation, celle du maïs cv. Pioneer 38W36. Des cultures de pommes de terre résistantes (cv. Andover) ou sensibles (cv. Snowden) ont été utilisées comme traitement de référence. Le maïs est une culture non-hôte qui devrait avoir des effets neutres sur les populations de nématodes dorés, tandis que les amendements utilisés visent à les réduire. Les populations de nématodes dorés augmentent en présence des racines de plants de pommes de terre sensibles (cv. Snowden), alors que les populations diminuent en présence des racines de plants résistants (cv. Andover). Le volet microbiologique du projet avait comme objectif de comparer, à l'aide de la technique PCR-DGGE, les modifications des populations bactériennes et fongiques induites par l'application des traitements pour chacune des cultures. L'analyse des profils DGGE a été utilisée pour départager les traitements en fonction de leurs impacts sur les populations microbiennes des sols. Au cours des 2 années de l'étude, l'amendement d'urée a induit une diminution du nombre d'œufs viables de nématodes. L'analyse PCR-DGGE a mis en évidence des modifications de la diversité bactérienne des sols à la suite de l'apport d'urée; ces modifications ont persisté tout au cours de la saison. Les apports d'amendements organiques à base de fumier de poulet et de lisier de porc ont induit des modifications moins contrastées de la diversité bactérienne des sols.

Impact du travail du sol et de la fertilisation azotée sur la dynamique des insectes ravageurs du canola

L.-P.T. Létourneau¹, A. Vanasse¹, G. Labrie² et D. Pageau³. ¹Département de phytologie, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1V 0A6; ²Centre de recherche sur les grains, Saint-Mathieu-de-Beloeil (Québec), Canada J3G 0E2; ³Agriculture et Agroalimentaire Canada, Normandin (Québec), Canada G8M 4K3

Depuis l'année 2001, deux nouveaux ravageurs du canola originaires d'Europe se sont établis au Québec, soit le charançon de la silique (*Ceutorhynchus obstrictus* Marsham) et le méligèthe des crucifères (*Meligethes viridescens* Fabricius). Les altises (*Phyllotreta* spp.), la fausse-teigne des crucifères (*Plutella xylostella* L.) et la punaise terne (*Lygus lineolaris* Palisot de Beauvois) sont aussi présentes au Québec et peuvent causer des dommages économiques. Les pratiques culturales, tout particulièrement le travail du sol et la fertilisation azotée, peuvent affecter ces ravageurs. L'objectif de ce projet était d'évaluer l'impact du travail du sol et de trois types de fertilisants azotés à quatre doses sur la dynamique et l'incidence des différents ravageurs du canola. Chaque traitement était répété quatre fois sur deux sites, à Saint-Augustin-de-Desmaures et à Normandin. Nous avons observé plus de dommage d'altises dans les parcelles de labour à Normandin. Toutefois, nous avons retrouvé un plus grand nombre de ravageurs dans les parcelles de semis direct de l'un ou des deux sites. Le type d'engrais azoté n'a pas eu d'effet sur l'abondance des insectes observés, mais nous avons retrouvé plus de méligèthes dans les parcelles fertilisées avec 100 et 150 kg N ha⁻¹ à Saint-Augustin. Ces données préliminaires démontrent l'intérêt d'évaluer l'influence des pratiques culturales sur les ravageurs.

Le chancre causé par l'*Ophiognomonia clavignenti-juglandacearum* : protection et rétablissement du noyer cendré

N. Nadeau-Thibodeau¹, L. Bernier¹, P. DesRochers² et D. Rioux². ¹Centre d'étude de la forêt (CEF), Université Laval, Québec (Québec), Canada G1V 0A6; ²Centre de foresterie des Laurentides, Service canadien des forêts, Ressources naturelles Canada, Québec (Québec), Canada G1V 4C7

Le chancre du noyer cendré, causé par *Ophiognomonia clavignenti-juglandacearum*, constitue la principale cause du déclin de cette essence en Amérique du Nord. Identifiée pour la première fois au Québec en 1990, la maladie est aujourd'hui présente dans toute l'aire de répartition canadienne de l'espèce. Afin de protéger et de permettre le rétablissement de l'espèce, un projet de recherche visant à identifier des individus résistants au chancre a vu le jour à l'été 2010. Dans six sites du Québec où la maladie a été identifiée et évaluée au préalable, 142 noyers cendrés potentiellement résistants ont été retenus lorsque ceux-ci ne présentaient pas de chancres et moins de 50 % de mort en cime ou moins de 30 % de mort en cime avec au plus 25 % de la

circonférence du tronc affectée par des chancres. À l'hiver 2011, des rameaux ont été prélevés sur 75 de ces individus afin de les multiplier dans le but de les soumettre à des inoculations visant à valider leur résistance. Parallèlement à ces travaux, des noyers cendrés ont été dégagés sur deux sites selon deux traitements expérimentaux afin d'accroître leur vigueur et peut-être ainsi améliorer leur résistance au chancre.

L'arsenal de champignons causant des maladies à flétrissement et leur cible

G.B. Ouellette. Québec (Québec), Canada G1X 2K5

Le problème majeur lié à l'étude des maladies à flétrissement est de pouvoir bien différencier les composantes de la plante hôte versus celles attribuables à l'agent pathogène. La plupart des études histologiques concernant ces aspects ont généralement montré l'absence de cellules fongiques typiques dans les cellules voisines des éléments de vaisseaux – l'avenue par laquelle l'infection se répand – et même souvent la rareté de telles cellules dans ceux-ci. On a conséquemment pensé à l'action de toxines ou d'autres composés produits par l'agent pathogène; de ce fait, on a postulé que ceux-ci étaient la cause première de la pathogénèse dans ces maladies. En résumé, le tout se ramenait à une question de biochimie. Quant à nous, nous nous sommes davantage attardés, au cours de plusieurs années de recherche, à l'étude histologique et ultracytochimique des altérations cellulaires de plantes infectées, principalement dans le but de découvrir le mode réel d'infection par les agents causals à l'étude en recherchant le ou les facteur(s) commun(s) aux quelques maladies étudiées. Certaines de ces recherches ont été menées en collaboration avec d'autres chercheurs, dont les noms apparaissent dans les publications issues de ces travaux. Ainsi, nous présentons tout d'abord des liens possibles entre les émissions de contenus cellulaires des cellules fongiques, la formation de tapissements sur les parois de vaisseaux et entre ceux-ci, ainsi que la présence de matière opaque s'accumulant dans les membranes de ponctuations, comme dans les cellules voisines et les parois cellulaires, via les lamelles mitoyennes. Le tout est lié à des altérations prononcées des cellules et de leurs parois, lesquelles sont particulièrement évidentes dans les jeunes tissus. Des résultats de marquage pour l'ADN par l'autoradiographie ou par l'utilisation d'anticorps monoclonaux contre ce composé marqués à l'or colloïdal montrent que cet acide nucléique serait un composant principal de cette matière opaque. Ce constat est renforcé par l'analogie observée entre la matière en question et l'hétérochromatine des noyaux de la plante hôte, comme des agents pathogènes, ainsi que dans d'autres organismes par la présence commune de structures que nous avons appelées « P-elements », à défaut de données plus précises. Des observations semblables sont rapportées concernant le développement des agents à l'étude et d'autres champignons dans des tissus pré-stérilisés, dont certains ont été fixés par congélation rapide sous pression. De cette façon, nous montrons que certains corps opaques de dimensions uniformes observés dans les plantes

infectées, des éléments de vaisseaux en particulier, se trouvent également dans le matériel *in vitro*. Nous donnons aussi quelques exemples d'illustrations paraissant dans des travaux d'autres chercheurs où nous pouvons également apercevoir ces « P-elements ».

Évaluation de la vapeur d'acide acétique et de la chaleur sèche comme traitements de semences chez les céréales

S. Rioux¹, S. Pouleur², P. Randall³, T.K. Turkington⁴, A. Vanasse⁵ et Y. Dion⁶. ¹Centre de recherche sur les grains, Québec (Québec), Canada G1P 3W8; ²Centre de recherche et de développement sur les sols et les grandes cultures, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Québec (Québec), Canada G1V 2J3; ³Centre de recherches agroalimentaires du Pacifique, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Summerland (Colombie-Britannique), Canada V0H 1Z0; ⁴Centre de recherches, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Lacombe (Alberta), Canada T4L 1W1; ⁵Département de phytologie, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1V 0A6; ⁶Centre de recherche sur les grains, Saint-Mathieu-de-Beloeil (Québec), Canada J3G 0E2

Pour pallier l'absence de traitement de semences en production céréalière biologique, trois traitements sans fongicide, soit la chaleur sèche et la vapeur d'acide acétique simple dose (VAA-S) et double dose (VAA-D), ont été comparés à deux traitements témoins (aucun traitement et Vitaflo-280). Ces traitements ont été réalisés sur deux lots de semences de blé et d'orge contaminés avec le *Fusarium graminearum* (Fg) ou le *Bipolaris sorokiniana* (Bs), deux agents reconnus pour affecter la levée et le rendement. Comparativement au témoin, la contamination par Bs a été diminuée de 33 à 91 % par les traitements VAA et Vitaflo. En cabinet de croissance, les traitements VAA et chaleur sèche ont réduit l'incidence de Fg en augmentant la levée (21 j) et en réduisant la pourriture des racines des plantules chez les deux céréales, alors que le Vitaflo a eu cet effet sur le Fg chez le blé seulement. Quant à l'impact de Bs, il a en général été réduit par les traitements VAA et Vitaflo. Au champ, la levée du lot de blé Bs a été augmentée par les traitements Vitaflo et chaleur sèche, mais réduite à Saint-Augustin-de-Desmaures par la VAA-D. Pour ce même lot, à Saint-Mathieu-de-Beloeil, les traitements VAA ont diminué le rendement. Cette première année d'essais montre que des traitements sans fongicide peuvent améliorer l'état sanitaire des semences. D'autres essais sont cependant nécessaires pour mieux évaluer leur potentiel.

Étude *in vitro* de facteurs influençant la transition levure-mycélium chez les agents de la maladie hollandaise de l'orme

E. Sayuri Naruzawa et L. Bernier. Centre d'étude de la forêt, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1V 0A6

La population d'orme américain (*Ulmus americana*) a été dévastée en Amérique du Nord par la maladie hollandaise de l'orme (MHO) causée par les champignons ascomycètes *Ophiostoma ulmi*, *O. novo-ulmi* et *O. himal-ulmi*. Ces agents pathogènes affichent un dimorphisme levure-mycélium. Des études antérieures suggèrent que des inhibiteurs des lipoxygénases puissent affecter le dimorphisme chez *O. ulmi*. L'objectif de ce travail est de vérifier l'effet de différents facteurs, tels les inhibiteurs de dioxygénases, les sources d'azote et la concentration d'inoculum, sur le dimorphisme des trois agents de la MHO. Nos résultats suggèrent que les oxylipines peuvent être impliquées puisque l'inhibition des dioxygénases affecte la production de mycélium. Nos travaux montrent en outre que le contrôle du dimorphisme, par la manipulation des facteurs que nous avons considérés, varie selon la souche d'*Ophiostoma* analysée, ce qui suggère que des mécanismes différents doivent être impliqués. Enfin, nous avons trouvé un orthologue du gène encodant la cyclooxygénase chez *Aspergillus* parmi les données d'annotation du génome de la souche agressive *O. novo-ulmi* subsp. *novo-ulmi* H327. Grâce à ces travaux et à des études subséquentes, nous espérons améliorer notre compréhension des mécanismes qui promeuvent le dimorphisme et ainsi contribuer à l'avancement des connaissances sur l'interaction orme-agent de la MHO.

Identifier convenablement pour détecter efficacement : révision phylogénétique de la taxonomie des espèces fongiques responsables de la rouille foliaire du peuplier (*Melampsora* spp.)
A. Vialle^{1,2}, L. Bernier², P. Frey³ et R.C. Hamelin¹.¹Centre de foresterie des Laurentides, Service canadien des forêts, Ressources naturelles Canada, Québec (Québec), Canada G1V 4C7; ²Centre d'étude de la forêt (CEF) et Institut de biologie intégrative et des systèmes (IBIS), Université Laval, Québec (Québec), Canada G1V 0A6; ³Institut National de la Recherche Agronomique (INRA), Nancy-Université, UMR1136 Interactions Arbres-Microorganismes, Champenoux, France 54280

La rouille du peuplier, l'une des maladies foliaires les plus préoccupantes en populiculture, est provoquée par plusieurs espèces de champignons microscopiques du genre *Melampsora*. Ces espèces ont la particularité de nécessiter deux hôtes, soit le peuplier et un autre hôte végétal (monocotylédone, dicotylédone ou encore pinacée), pour compléter leur cycle biologique. À l'heure de la détection moléculaire, la reconnaissance des espèces de *Melampsora* demeure difficile car leur définition ne fait pas l'unanimité. En effet, leur taxonomie est principalement basée sur la morphologie des spores qui présentent pourtant de nombreuses similarités entre des espèces nécessitant deux hôtes différents. Certains auteurs ont proposé d'ajouter la spécificité d'hôte comme critère de distinction entre ces espèces, alors que d'autres continuent de regrouper sous un seul et même nom toutes les espèces morphologiquement semblables. En effectuant la concordance généalogique entre quatre régions génétiques distinctes (région ribosomale, région mitochondriale et deux régions nucléaires codantes), nous avons tracé les lignées évolutives (espèces phylogénétiques) existantes chez les espèces de *Melampsora* décrites sur le peuplier. Les lignées identifiées confirment une séparation évolutive de ces espèces en fonction de leur spécificité d'hôtes. Notre étude appuie donc une révision taxonomique et une définition des espèces de *Melampsora* basées sur la gamme d'hôtes de ces champignons.