

Résumés des communications Paper Session Abstracts

Volume 98, Number 1, 2018

URI: <https://id.erudit.org/iderudit/1046785ar>

DOI: <https://doi.org/10.7202/1046785ar>

[See table of contents](#)

Publisher(s)

Société de protection des plantes du Québec (SPPQ)

ISSN

1710-1603 (digital)

[Explore this journal](#)

Cite this document

(2018). Résumés des communications. *Phytoprotection*, 98(1), 7–12.
<https://doi.org/10.7202/1046785ar>

Exploring the mechanisms of biocontrol via antibiosis on plant pathogens in soil ecosystems

T. Arseneault¹ and M. Filion². ¹Saint-Jean-sur-Richelieu Research and Development Centre, Agriculture and Agri-Food Canada, Saint-Jean-sur-Richelieu (Quebec), Canada J3B 3E6; ²Département de biologie, Université de Moncton, Moncton (New Brunswick), Canada E1A 3E9

The importance of antibiotic production for the control of many plant pathogens has been proven for several biocontrol agents. However, the exact mechanisms through which antibiotics operate in order to reduce disease are seldom investigated, and are often assumed to suppress plant pathogen populations through toxicity. Moreover, recent studies have shown that the effect of antibiotics on pathogens is dose-dependent, and that at low, subinhibitory concentrations - which are thought to be prevalent under soil conditions - transcriptional activity rather than viability is affected. Experimental results where the biocontrol of the common scab of potato pathogen, *Streptomyces scabies*, was achieved in controlled and field trials through the down-regulation of expression of virulence genes, relying on the presence of a phenazine, will be presented as a case study. A literature overview of the fate of antibiotics in soil and their potential roles in the ecosystem will also validate the importance of mechanistically understanding how beneficial microorganisms can achieve disease reduction through antibiosis. This wider understanding will allow the identification and optimization of the conditions necessary for successful disease reduction, and help us anticipate the broader effects of treatments on agroecosystems and their sustainability.

Amélioration de la résistance à deux oomycètes pathogènes des racines chez la luzerne : sélection récurrente et assistée par marqueurs moléculaires

P. Audy, S. Rocher et A. Claessens. Centre de recherche et développement de Québec, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Québec (Québec), Canada G1V 2J3

Le pourridié phytophthoréen (PRR) et la nécrose racinaire précoce (ARR), causés respectivement par deux oomycètes, *Phytophthora medicaginis* et *Aphanomyces euteiches*, sont deux maladies prépondérantes causant le dépérissement de nos luzernières au Québec. Une approche de sélection basée sur l'utilisation de marqueurs moléculaires pourrait faciliter significativement l'identification de génotypes de luzerne résistants et, par conséquent, accélérer le développement de cultivars supérieurs. À partir de germoplasmes de luzerne sensibles au PRR et à l'ARR, nous avons généré des populations plus résistantes à l'aide de trois cycles de sélection récurrente sous haute pression pathogénique. Des marqueurs SRAP (polymorphisme d'amplification

liés à la séquence) liés à la résistance au PRR ou à l'ARR ont été identifiés par analyse de ségrégants regroupés. Dans le cas de la résistance au PRR, trois cycles de sélection récurrente ont suffi pour amener des populations initialement sensibles (0 - 5 % de plants résistants) à développer une haute résistance (>50 % de plants résistants). La progression de la résistance à l'ARR a été moins fulgurante, ce qui semble indiquer que la génétique à la base de la résistance est plus complexe. Des tests croisés sont en cours pour vérifier si la sélection contre un organisme pathogène génère aussi des gains en résistance à l'autre oomycète.

Biofumigation et rotation dans la lutte contre le nématode des lésions et la verticilliose dans la fraise

G. Bélair, J. Coulombe et N. Dauphinais. Centre de recherche et de développement de Saint-Jean-sur-Richelieu, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Saint-Jean-sur-Richelieu (Québec), Canada J3B 3E6

Dans des conditions de plein champ, l'effet d'une seule année de rotation avec le maïs, les cultures de crucifères (canola suivi d'une moutarde blanche) en engrais vert, l'avoine et le millet perlé fourrager sur les densités de *Pratylenchus penetrans* a été mesuré, de même que son incidence sur les dégâts et pertes reliés à la verticilliose, *Verticillium dahliae*, dans une plantation de fraisier l'année suivante. Les densités de *P. penetrans* les plus faibles ont été enregistrées à la suite du millet perlé fourrager et aux engrais verts de crucifères, lesquels ont aussi réduit l'incidence de la verticilliose et augmenté la croissance des plants de fraise. Lors de deux essais supplémentaires, les engrais verts de crucifères ont été complétés avec un amendement en fumier de poulet ainsi qu'un paillis plastique afin d'augmenter l'efficacité de la biofumigation. L'ajout d'un paillis plastique immédiatement après l'enfouissement du premier engrais vert a réduit de manière significative les populations de nématode dans un des essais seulement. L'ensemble des résultats ne nous permet pas de conclure sur l'efficacité de la biofumigation pour réduire les densités du *P. penetrans* et la verticilliose chez la fraise.

Diversité génétique, structure des populations et adaptation du nématode à kyste du soja en Amérique du Nord

A.-F. Gendron St-Marseille^{1,2}, P.-Y. Veronneau¹, J. Brodeur² et B. Mimee¹. ¹Centre de recherche et développement de Saint-Jean-sur-Richelieu, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Saint-Jean-sur-Richelieu (Québec), Canada J3B 3E6; ²Centre sur la biodiversité, Institut de recherche en biologie végétale (IRBV), Université de Montréal et Jardin Botanique de Montréal, Montréal (Québec), Canada H1X 2B2

Les superficies de soja sont en constante augmentation à travers le monde, y compris au Canada qui est l'un des dix principaux pays producteurs. En raison de sa production intensive, le soja fait face à de nombreux ennemis, dont le nématode à kyste du soja (*Heterodera glycines*). Cet organisme cause annuellement plus d'un milliard de dollars de pertes aux États-Unis et au Canada et ce chiffre continue d'augmenter au rythme des nouvelles introductions dans de nouveaux environnements, dont le Québec. Des lignées résistantes sont employées pour limiter les pertes, mais leur surutilisation a occasionné la sélection d'individus de plus en plus virulents. Afin de mieux cerner les paramètres liés à l'évolution et à l'adaptation de cette espèce, nous avons entrepris l'étude de la structure des populations. Ces travaux ont permis d'obtenir des mesures plus précises quant aux paramètres démographiques de son introduction et de retracer les liens entre les populations nord-américaines. Également, les analyses par scan génomique ont permis d'explorer la divergence adaptative entre les populations et d'établir des relations avec différents paramètres environnementaux et la génétique des plantes résistantes. Ces données faciliteront la gestion future de cette espèce en orientant les programmes d'amélioration génétique et en fournissant des marqueurs diagnostics.

The alleviation of herbicide-induced photosynthetic stress with foliar nutrient supplementation leads to increased crop productivity in *Triticum aestivum*

O. Haley and D. Smith. Department of Plant Science, McGill University, Sainte-Anne-de-Bellevue (Quebec), Canada H9X 3V9

Although herbicides reduce weed-crop competition, prolonged decreases in crop photosynthetic activity due to herbicide usage could negatively impact crop yield and quality. Due to the role of mineral elements in photosynthesis, this study aims to investigate the efficacy of foliar nutrient co-applications containing N, P, K, B, Zn, Mn, Mo, and S in reversing herbicide-induced photosynthetic impairment and increasing crop productivity in spring wheat (*Triticum aestivum*). Bromoxynil (672 g) and MCPA (672 g) were co-applied with the foliar nutrients at the sixth leaf stage. Under field conditions, the nutrient formulations partially recovered the photosynthetic stress, although the effects of the treatments were not detectable 3 d after treatment. Although height, leaf area, and dry weight were largely unaltered, foliar nutrient co-application resulted in a 17.6% yield increase compared to the herbicide-only treatment. In greenhouse trials, foliar nutrient co-application did not result in photosynthetic recovery, though height and dry weight decreased due to the application of herbicides alone. Therefore, the benefits of the foliar nutrients on crop productivity may be restricted to the field setting where its applications potentially address interactions between environmental stresses and herbicide stresses, though further experimentation is required.

***Xanthomonas hortorum* pv. *vitians* : identifier les pathotypes causant la tache bactérienne de la laitue au Canada**

P.-O. Hébert¹, D. Xu², M. Ciotola², M. Cadieux², M. Laforest², C. Beaulieu¹ et V. Toussaint². ¹Département de biologie, Université de Sherbrooke, Sherbrooke (Québec), Canada J1K 2R1; ²Centre de recherche et de développement de Saint-Jean-sur-Richelieu, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Saint-Jean-sur-Richelieu (Québec), Canada J3B 3E6

La tache bactérienne de la laitue (*Lactuca sativa*), causée par *X. hortorum* pv. *vitians*, est une maladie affectant les cultures de laitue sur tous les continents. Montrant des nécroses sur la surface et aux marges des feuilles, les plants infectés ne peuvent être vendus sur le marché, engendrant des pertes monétaires considérables pour les producteurs. Une récente analyse de séquence multilocus de 511 isolats de *X. hortorum* pv. *Vitians* recueillis au cours des années 2014 à 2016 dans les zones de production de laitue au Canada a permis de les différencier en cinq groupes. Après l'inoculation de trois cultivars de laitue ('Paris Island Cos', 'Romora' et 'Little Gem') avec plusieurs isolats appartenant à chacun des groupes, au moins deux pathotypes ont pu être associés à ces groupes. Un premier pathotype cause des symptômes sur le cultivar 'Little Gem' et peu sur le cultivar 'Romora', alors que le deuxième affecte d'avantage 'Romora' que 'Little Gem'. De plus, une analyse *in vitro* de la production de xanthane, un exopolysaccharide sécrété par le genre *Xanthomonas*, a permis d'observer un taux de production différent entre ces pathotypes.

Resistance R genes in potato against blights and scab for genome editing based on the CRISPR-Cas9 system

N. Hegde, S. Joshi, F. Nazarian, H. Xue and A.C. Kushalappa. Plant Science Department, McGill University, Sainte-Anne-de-Bellevue, (Quebec), Canada H9X 3K9

Potato late blight and common scab, caused by the oomycete *Phytophthora infestans* and the bacteria *Streptomyces scabies*, respectively, are the most serious diseases of potato. Plant disease resistance is highly complex and quantitative in nature. Resistance in plants against biotic stress is mainly due to metabolites and proteins, which are either constitutive or induced in response to pathogen. The resistance related metabolites are biosynthesized by hierarchies of genes. Based on the metabolite-transcriptomics of genotypes with contrasting levels of resistance to specific biotic agent, we have identified several candidate *R*-genes, including gene codes for transcription factors such as *StWRKY1*, *StWRKY8*, *StERF3*, *StNAC43*, and *StMYB8*, and functionally validated them in potato against late blight resistance. A receptor gene that was identified and validated in barley (*HvCERK1*) against fusarium head blight was also induced following *S. scabies* infection in potato. A few of these candidate *R*-genes or alleles have been shown to be polymorphic or non-functional in susceptible cultivars, such as 'Russet Burbank'. These polymorphic gene segments are now being replaced

with functional *R*-gene segments based on genome editing, using the CRISPR-Cas9 system, with the goal to enhance resistance in 'Russet Burbank' against blight and scab diseases.

Acetyl-CoA carboxylase overexpression in herbicide-resistant crabgrass (*Digitaria sanguinalis*)

M. LaForest¹, R.E. Nurse², K. Obeid³, E.R. Page² and M. Simard¹. ¹Saint-Jean-sur-Richelieu Research and Development Centre, Agriculture and Agri-Food Canada, Saint-Jean-sur-Richelieu (Quebec), Canada J3B 3E6; ²Harrow Research and Development Centre, Agriculture and Agri-Food Canada, Harrow (Ontario), Canada N0R 1G0; ³Ontario Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs, Harrow (Ontario), Canada N0R 1G0

Growers have to cope with increasing cases of herbicide-resistant weeds. The development of genetic tests is helping with the identification of resistance and is leveraging years of research to identify causal mutations. Whereas most of these studies describe target site mutations, an unknown number of cases exist in nature where this molecular mechanism is not involved. The molecular descriptions of these cases are likely under-reported due to analytic challenges. A crabgrass biotype (*Digitaria sanguinalis*) from southern Ontario tested positive for resistance to Acetyl-CoA Carboxylase (ACCase) herbicides, although none of the target site mutations conferring resistance were detected. Our goal was to evaluate if any gene showed differential expression that could explain herbicide resistance. Both RNASeq results and confirmation by Reverse-Transcriptase Quantitative PCR (qRT-PCR) indicated an increase in the level of expression of the target gene involved in the production of ACCase. The number of transcripts was 3.4 to 9.3 times higher in the resistant biotype compared with the susceptible population. ACCase gene copy number was determined by qPCR to be 5 to 7 times higher in the resistant biotype compared with susceptible ones. This qPCR assay could serve as a diagnostic tool when ACCase inhibitor resistance is suspected.

Restoration of the American chestnut (*Castanea dentata*) in Canada

C.-A. Lovat and D.J. Donnelly. Department of Plant Science, McGill University, Sainte-Anne-de-Bellevue (Quebec), Canada H9X 3V9

At the turn of the 20th century, an introduced fungal pathogen (*Cryphonectria parasitica*) decimated populations of American chestnut (*Castanea dentata*) in Canada through a girdling disease known as chestnut blight. Within Canada, an estimated 1500 trees remain in the native range of the species, down from a historic population of 2 million. Remaining trees have apparent tolerance to the blight. However, trees are self-infertile, and the Canadian metapopulation is currently too sparsely distributed to reproduce effectively. Over the next 3 yrs, a large-scale reintroduction program of this species will be undertaken across eastern Canada.

From the remaining elite genotypes found in Canada, over 6000 new blight-free trees will be propagated and used as a foundation for novel populations in Ontario, Quebec, Prince Edward Island, Nova Scotia, and New Brunswick. Large-scale propagation of disease-free woody plant material is only possible through the application of tissue culture. A novel micropropagation system has been developed for the implementation of this program. The result will be the formation of self-sustaining populations of *C. dentata* across Canada.

Rôle des transporteurs d'ammonium dans la condition (*fitness*) des champignons responsables de la maladie hollandaise de l'orme

T.C. Oliveira, P. Tanguay et L. Bernier. Institut de biologie intégrative et des systèmes/Centre d'étude de la forêt, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1V 0A6

L'orme d'Amérique (*Ulmus americana*) est une espèce appartenant à la famille des ulmées très prisée dans les pays de l'hémisphère Nord en raison de sa valeur ornementale et de son bois de haute qualité. Vers 1940, le champignon ascomycète *Ophiostoma ulmi* a été introduit au Canada en provenance de l'Europe, causant la maladie hollandaise de l'orme (MHO) qui a entraîné la mort de millions d'ormes. Depuis 1960, une deuxième épidémie causée par *O. novo-ulmi*, une espèce hautement pathogène, s'est propagée rapidement dans plusieurs régions du monde. Le dimorphisme joue un rôle important dans la virulence chez plusieurs espèces de champignons. La source d'azote est essentielle au contrôle nutritionnel du dimorphisme levure-mycélium chez *O. ulmi* et *O. novo-ulmi*, tandis que les transporteurs d'ammonium jouent un rôle dans la régulation du dimorphisme chez plusieurs espèces fongiques. Cette recherche vise à analyser le rôle des transporteurs d'ammonium dans la condition (*fitness*) des champignons responsables de la MHO par le biais de l'analyse temporelle du contenu en azote d'ormes présentant différents niveaux de tolérance à la MHO et par la caractérisation et l'analyse fonctionnelle des gènes encodant des transporteurs d'ammonium (g282, g1681, g4730) chez *Ophiostoma*. À long terme, l'étude proposée aidera au développement de la lutte contre les champignons ravageurs.

Caractérisation du spectre d'hôte et de la diversité génétique des populations du nématode des tiges et des bulbes, *Ditylenchus dipsaci*, du Québec et de l'Ontario

S. Poirier¹, N. Dauphinais¹, H. Van Der Heyden², G. Bélair¹, V. Gravel³ et B. Mimee¹. ¹Centre de recherche et de développement de Saint-Jean-sur-Richelieu, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Saint-Jean-sur-Richelieu (Québec), Canada J3B 3E6; ²Compagnie de recherche Phytodata inc., Sherrington (Québec), Canada J0L 2N0; ³Département de sciences végétales, Université McGill, Sainte-Anne-de-Bellevue (Québec), Canada H9X 3V9

Le nématode des tiges et des bulbes, *Ditylenchus dipsaci*, est un endoparasite affectant plus de 500 espèces de plantes. Les producteurs d'ail du Québec et de l'Ontario ont été particulièrement touchés par ce ravageur depuis 2012. La reproduction de *D. dipsaci* sur un hôte particulier dépend de sa race biologique, laquelle est inconnue pour ces populations. D'autres cultures, comme celle de l'oignon, pourraient donc être à risque. Dans cette étude, le spectre d'hôte de quatre populations de *D. dipsaci* du Québec et de l'Ontario a été déterminé avec un essai en serre sur dix cultures. L'ail et l'oignon ont montré une grande sensibilité au nématode alors que la reproduction sur la pomme de terre était plus faible. Aucun développement n'a été observé sur les cultures suivantes : maïs, soya, orge, luzerne, moutarde, carotte et laitue. Ces plantes pourraient donc être utilisées en cultures de rotation dans un programme de lutte. Avec la collaboration des producteurs d'ail et du Réseau d'avertissement phytosanitaire, 57 échantillons ont été analysés, dont 30 étaient positifs. Dix-neuf populations de *D. dipsaci* ont ensuite été caractérisées génétiquement. La plupart de ces populations présentaient un génotype semblable à une population de référence de l'Ontario. Ces résultats permettront de faciliter la gestion de ce ravageur.

Les maladies foliaires du maïs de grandes cultures présentes au Québec en 2016

S. Rioux¹, I. Fréchette², L. Bilodeau³, J. Breault⁴, B. Duval⁵, Y. Faucher⁶, S. Mathieu⁷ et E. Menkovic⁸. ¹Centre de recherche sur les grains, Québec (Québec), Canada G1P 3W8; ²Centre de recherche sur les grains, Saint-Mathieu-de-Beloeil (Québec), Canada J3G 0E2; ³Direction régionale de la Chaudière-Appalaches, Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec, Sainte-Marie (Québec), Canada G6E 3V7; ⁴Direction régionale de Montréal-Laval-Lanaudière, Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec, L'Assomption (Québec), Canada J5W 1T3; ⁵Direction régionale du Centre-du-Québec, Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec, Nicolet (Québec), Canada J3T 1Y2; ⁶Direction régionale de la Montérégie-Est, Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec, Saint-Hyacinthe (Québec), Canada J2S 8W7; ⁷Centre de services agricoles de Saint-Jean-sur-Richelieu, Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec, Saint-Jean-sur-Richelieu (Québec), Canada J3B 2C2; ⁸Direction régionale de l'Estrie, Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec, Sherbrooke (Québec), Canada J1N 2A5

Afin d'avoir un aperçu des maladies du maïs (*Zea mays*) qui se sont manifestées au Québec en 2016, 18 champs répartis dans six régions ont été visités une fois en septembre. Trente feuilles d'épi ont été prélevées à dix endroits différents dans le champ afin d'identifier les maladies présentes et d'évaluer leur intensité (pourcentage de la surface foliaire atteinte). Le

dessèchement (*Setosphaeria turcica*) était la maladie la plus répandue (17 champs), mais son intensité ne dépassait dans aucun cas 5 %. Des 13 champs (six régions) atteints de kabatiellose (*Aureobasidium zeae*), seulement deux montraient une intensité de symptômes >5 %, soit un dans Lanaudière (22 %) et l'autre en Montérégie-Est (11 %). La rouille commune (*Puccinia sorghi*), présente dans 13 champs (absente en Estrie et Chaudière-Appalaches), et l'anthracnose, (*Colletotrichum graminicola*) présente dans sept champs (trois régions), étaient plus intenses (>10 %) dans trois champs situés en Montérégie-Est et Montérégie-Ouest. Les taches grises (*Cercospora zeae-maydis*) se sont manifestées dans 12 champs situés, comme pour l'anthracnose, dans Lanaudière, Montérégie-Est et Montérégie-Ouest, mais étaient peu intenses (de 0,02 à 7,5 %). Finalement, on a identifié les taches septentrionales (*Cochliobolus carbonum*) sur seulement trois feuilles (Estrie et Lanaudière) et la rouille du sud (*Puccinia polysora*) sur une seule feuille (Lanaudière).

Qu'est-ce qui détermine la gamme d'hôte des nématodes à kystes de la pomme de terre?

M. Sabeh¹, E. Lord¹, M. Saint-Arnaud¹ et B. Mimee². ¹Centre sur la biodiversité, Institut de recherche en biologie végétale, Université de Montréal et Jardin Botanique de Montréal, Montréal (Québec), Canada H1X 2B2; ²Centre de recherche et développement de Saint-Jean-sur-Richelieu, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Saint-Jean-sur-Richelieu (Québec), Canada J3B 3E6

Les nématodes à kystes de la pomme de terre, *Globodera rostochiensis* et *G. pallida*, sont des nématodes phytoparasites infectant plusieurs espèces de solanacées, incluant la pomme de terre, la tomate et l'aubergine. Ces nématodes ont développé des protéines spécialisées appelées effecteurs pour déjouer les défenses des plantes. Ces dernières ont par la suite développé des résistances basées sur la reconnaissance de ces effecteurs, ce qui a encore été surmonté par certains pathotypes de nématodes virulents. Le séquençage d'ARN a été utilisé pour identifier des variations dans les séquences, ainsi que des gènes différentiellement exprimés au stade de larve parasitaire de différentes espèces et pathotypes de *Globodera*. *Globodera rostochiensis* et *G. pallida* ont été comparés à *G. tabacum* et *G. mexicana* à cause de leur grande similarité génétique et de la différence de leur hôte primaire. Les pathotypes de *G. rostochiensis*, se développant sur des génotypes différents de pommes de terre, ont également été comparés. Ces analyses ont révélé des gènes significativement plus exprimés et ayant de forte probabilité d'être associés à la pathogénicité chez les espèces capables d'infecter la pomme de terre. Des candidats en lien avec la virulence ont également été identifiés chez les pathotypes, incluant certains gènes d'effecteurs connus.

Protection de la fléole des prés (*Phleum pratense*) contre les stress abiotiques grâce aux endophytes bactériens

D. Saleh, P. Séguin et S. Jababji. Département des sciences végétales, Université McGill, Sainte-Anne-de-Bellevue, Québec, Canada H9X 3V9

L'utilisation d'endophytes est une possible stratégie pour réduire l'impact de certains stress abiotiques auxquels sont confrontées les grandes cultures. Au Québec, la fléole des prés est la principale espèce de graminée fourragère cultivée, particulièrement en raison de résistance au froid; cette espèce est cependant sensible aux déficits hydriques. L'inoculation avec des endophytes pourrait être une approche prometteuse pour favoriser la croissance de cette espèce et sa survie face aux changements climatiques. Cette étude vise à améliorer notre compréhension des populations d'endophytes de la fléole et aussi à déterminer les mécanismes impliqués dans une possible protection de ces endophytes face à certains stress abiotiques. Nous avons isolé 476 endophytes bactériens de plusieurs sites et de différents tissus de la fléole. Après avoir identifié ces bactéries au niveau génétique, nous avons réalisé une série d'identifications biochimiques concernant leurs capacités enzymatiques et hormonales. Nous évaluerons aussi ces organismes en termes de présence de gènes *nif*, de leur capacité à produire l'ACC déaminase et de composés volatils. Les endophytes ayant les meilleures caractéristiques seront sélectionnés et évalués pour leur capacité à améliorer la valeur nutritionnelle de la fléole dans des conditions de stress abiotiques associés avec les changements climatiques.

The interplay of antioxidant-related genes, including vitamin B6, during interactions of different hosts with *Rhizoctonia solani*

J. Samsatly, T. Copley and S. Jabaji. Department of Plant Science, McGill University, Sainte-Anne-de-Bellevue (Quebec), Canada H9X 3V9

Rhizoctonia solani is an important necrotrophic fungal pathogen with a wide host range. Necrotrophic fungi can regulate intracellular ROS levels through a set of antioxidant arsenal, including vitamin B6 (VB6). Little is known about the antioxidant role of VB6 in *R. solani*. Here, we report on the regulation of the antioxidant genes VB6 (*PDX1*, *PDX2* and *PLR*) and *Glutathione S-transferases* (*GST*) in plants and in *R. solani* during host-pathogen interactions of pathosystems: I. Soybean (*Glycine max*) leaves-*R. solani*; II. Soybean hypocotyls-*R. solani*; III. Potato (*Solanum tuberosum*) sprouts-*R. solani*. Depending on the pathosystem, the regulation of the antioxidant genes was differentially expressed. Some of the highlights include: 1) the soybean *Pyridoxal reductase*-derived genes (*GMPLR*) and *GMGST* increased by 4.6- and 5.3-fold, respectively, in necrotic tissues of pathosystem I compared with controls; 2) the fungal (*RSolPLR*) and host (*GMPLR*) genes were the driving antioxidant force in pathosystem II; 3) in pathosystem III, the activation of VB6 genes was tissue specific; and 4) a higher expression of potato *STPDX2* compared with fungal *RSPDX2* in necrotic

tissues was detected, while the opposite pattern was detected in surrounding tissues. Taken together, the differential expression of antioxidant genes in the host and pathogen is an important determinant of disease outcome and pathogenicity.

Facteurs influençant l'incidence de l'affaîssement pythien en culture de laitue pommée

A. Sauvageau^{1,2}, H. Van der Heyden² et V. Gravel¹. ¹Département de sciences végétales, Université McGill, e(Québec), Canada H9X 3V9; ²Compagnie de recherche Phytodata inc., Sherrington (Québec), Canada J0L 2N0

Pythium tracheiphilum Matta, l'agent responsable de l'affaîssement pythien de la laitue, occasionne des pertes importantes pour les producteurs québécois. Comme ceux-ci sont responsables de plus de 90 % de toute la production canadienne¹, une lutte efficace reposant sur une bonne connaissance de l'agent pathogène est essentielle. Dans le cadre de cette étude, les paramètres météorologiques, tels que la température et l'accumulation de pluie, ont pu être corrélés à la sévérité des symptômes au champ. De plus, l'utilisation d'outils de détection moléculaire (PCR en temps réel) a permis de quantifier l'inoculum dans le sol et d'ainsi définir une quantité minimale d'oospores requise pour occasionner des pertes significatives au champ (seuil). Les résultats obtenus suggèrent qu'une perte de rendement de 5 % ou plus est associée à une température moyenne de l'air inférieure à 19°C durant les 14 j suivant la plantation, ainsi qu'à une accumulation de pluie de plus de 20 mm lors de la première semaine suivant la plantation, et ce, lorsque le seuil minimal de 100 oospores g⁻¹ sol est atteint. Ce seuil a notamment pu être validé lors d'essais expérimentaux effectués en conditions contrôlées.

Évaluation moléculaire de l'impact de traitements sylvicoles sur la sporulation de *Ophiognomonia clavignenti-juglandacearum*, l'agent pathogène responsable du chancre du noyer cendré

P. Tanguay, M. Blais, A. Potvin, D. Stewart, J. Lamarche et D. Rioux. Centre de foresterie des Laurentides, Ressources naturelles Canada, Québec (Québec), Canada G1V 4C7

Nous avons développé un essai moléculaire afin de quantifier le champignon *Ophiognomonia clavignenti-juglandacearum*, l'agent responsable du chancre du noyer cendré. L'essai de PCR en temps réel est hautement spécifique. Il permet de discriminer *O. clavignenti-juglandacearum* de toutes les autres espèces nord-américaines connues d'*Ophiognomonia*. De plus, cet essai est quantitatif et permet la détection d'une seule spore de l'agent pathogène ciblé. Ce test moléculaire a été utilisé pour évaluer la sporulation de l'agent pathogène sur des arbres infectés par le chancre du noyer cendré ayant reçu différents traitements sylvicoles

¹ Institut de la statistique du Québec. 2016. Profil sectoriel de l'industrie horticole au Québec, édition 2016. Gouvernement du Québec, Québec (Québec), Canada.

afin de promouvoir leur vigueur. Les conidies du *O. clavigignenti-juglandacearum* ont été quantifiées dans 977 échantillons prélevés à l'aide de capteurs de pluie installés dans deux sites, pendant deux saisons de végétation. Aucune différence significative de la sporulation n'a été observée entre les arbres ayant reçu les différents traitements sylvicoles. L'essai moléculaire développé dans le cadre de cette étude est hautement spécifique et sensible. Il permettra d'évaluer l'efficacité des futurs moyens de lutte développés contre cette maladie.

Erreurs dans l'identification des mauvaises herbes : questions pédagogiques et agro-nomiques

D. Wees. Département de sciences végétales, Université McGill, Sainte-Anne-de-Bellevue (Québec), Canada H9X 3V9

Dans un cours d'introduction à la botanique faisant partie d'un programme de gestion et technologie agricole, les étudiants devaient préparer un herbier comprenant 15 espèces de mauvaises herbes de leur choix. Une analyse de ces herbiers a démontré qu'il y avait plusieurs erreurs dans l'identification de ces mauvaises herbes. La fréquence des erreurs variait beaucoup selon les espèces. Au moins 95 % des échantillons des espèces suivantes ont été identifiés de façon juste : *Abutilon theophrasti*, *Asclepias syriaca*, *Daucus carota*, *Matricaria matricarioides*, *Oxalis stricta*, *Plantago major* et *Vicia cracca*. Par contre, les espèces suivantes ont mal été identifiées par plus de 50 % des étudiants : *Artemisia biennis*, *Leontodon autumnalis* et *Malva neglecta*. Les espèces suivantes ont été mal identifiées dans au moins 30 % des cas : *Cirsium vulgare*, *Setaria faberi*, *Setaria viridis*, *Sonchus arvensis*, *Sonchus asper* et *Sonchus oleraceus*. Le niveau d'erreur variait selon l'espèce. Alors que *Setaria faberi* a mal été identifié au niveau de l'espèce chez 29 % des spécimens (par exemple, en indiquant *S. viridis* ou *S. glauca*), il y a eu des erreurs au niveau de la famille chez 25 % des spécimens de *Malva neglecta*, 18 % des spécimens d'*Erysimum cheiranthoides* et 12 % des spécimens d'*Ambrosia artemisiifolia*.

Engineered nanomaterials as an emerging technology for on-time delivery of nutrients and agrochemicals for plant protection

J.K. Whalen and H. Benslim. Department of Natural Resource Sciences, McGill University, Sainte-Anne-de-Bellevue (Quebec), H9X 3V9

Engineered nanomaterials are being incorporated into mainstream consumer products and processes at an ever-increasing rate, and the global nanotechnology sector is projected to reach \$2.6 trillion US dollars by 2020. Engineered nanomaterials are particularly attractive for accelerating technological development in medicine, agriculture and renewable energy applications. In agriculture, there are opportunities to use nanocapsules containing nutrients and agrochemicals for precise delivery of these substances. In the context of crop production, such a delivery system can control the release of soluble nutrient for greater nutrient use efficiency. Nanocapsulated agrochemicals offer several possibilities as a delivery

system of agrochemicals for plant protection since their small size allows for coverage of a larger surface area and gradual release as the nanocapsule dissolves or agrochemicals diffuse through pores in the nanocapsule. The risk of releasing the novel nanocapsules must be balanced against the known environmental consequences of current nutrient and agrochemical delivery systems. The potential of commercially available nanocapsules as a technology for plant protection will be discussed.

Response of strawberry to UV-C radiation supplemented during growth: Linking phytohormonal changes with fruit yield and quality parameters

Y. Xu^{1,2}, M.T. Charles¹, Z. Luo², B. Mimee¹, D. Rolland¹, D. Roussel¹ and P.-Y. Veronneau¹. ¹Saint-Jean-sur-Richelieu Research and Development Centre, Agriculture and Agri-Food Canada, Saint-Jean-sur-Richelieu (Québec), Canada J3B 3E6; ²Zhejiang University, College of Biosystems Engineering and Food Science, Key Laboratory of Agro-Products Postharvest Handling Ministry of Agriculture, Hangzhou (Zhejiang), People's Republic of China 310058

Preharvest ultraviolet-C (UV-C) treatment of strawberry is a new approach considered for its potential to be included in integrated pest management programs. However, little information is available on its effect on the levels of bioactive phytochemicals in fruits. In this study, the effect of preharvest UV-C irradiations at three different doses was investigated on strawberry yield, fruit quality parameters, polyphenolics and phytohormones. The overall marketable yield was not affected, although more aborted fruits were numbered in treated plants. The fruits from the high dose group were firmer and had approximately 20% and 15% more sucrose and ascorbic acid content, respectively. Significant accumulation ($p < 0.05$) of flavonoids (25% to 75% increase) was found in the fruits of the low and middle dose groups. Higher abscisic acid (ABA) content was also observed and genes of the flavonoid pathway were overexpressed in the two latter groups. Citric acid content decreased only in the low dose group with a concomitant reduction in jasmonic acid (JA) content. For aroma, three volatile alcohols differed significantly with obvious activation of alcohol acyltransferase (AAT) activity. Our study shows that hormetic preharvest UV-C treatment may be used to supplement cultural practices to enhance the bioactive compounds of strawberry fruit.