

Phytoprotection



Société de protection des plantes du Québec, 112^e Assemblée annuelle (2021). « L'intelligence artificielle au service de la phytoprotection »

Québec Society for the Protection of Plants, 112th Annual meeting (2021). "Using artificial intelligence in phytoprotection"

Volume 102, Number 1, 2022

URI: <https://id.erudit.org/iderudit/1088483ar>

DOI: <https://doi.org/10.7202/1088483ar>

[See table of contents](#)

Publisher(s)

Société de protection des plantes du Québec (SPPQ)

ISSN

1710-1603 (digital)

[Explore this journal](#)

Cite this document

(2022). Société de protection des plantes du Québec, 112^e Assemblée annuelle (2021). « L'intelligence artificielle au service de la phytoprotection ». *Phytoprotection*, 102(1), 1–5. <https://doi.org/10.7202/1088483ar>

Tous droits réservés © La société de protection des plantes du Québec, 2022

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

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

érudit

This article is disseminated and preserved by Érudit.

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

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

Société de protection des plantes du Québec

112^e Assemblée annuelle (2021)

« L'intelligence artificielle au service de la phytoprotection »

Québec Society for the Protection of Plants

112th Annual meeting (2021)

« Using artificial intelligence in phytoprotection »

Virtuel, 16 au 17 septembre 2021

Virtual, September 16-17, 2021

From virus detection by nanopore sequencing to the reduction of viral infection symptoms by exogenous double-stranded RNAs (dsRNAs) application in grapevine plant

V. Jalali Javaran^{1,2}, P. Moffett², M.-L. Fall¹

¹ Saint-Jean-sur-Richelieu Research and Development Centre, Agriculture and Agri-Food Canada, Saint-Jean-sur-Richelieu (Quebec), Canada J3B 3E6

² Centre SEVE, Department of Biology, Université de Sherbrooke, Sherbrooke (Quebec), Canada J1K 2R1

Grapevine (*Vitis vinifera* L.) has a significant impact on the economy of many countries. In recent years, the grape and wine industry has been facing outbreaks of viral diseases. Although high-throughput sequencing (HTS) has been used extensively for virus detection and virus evolution in the past decade, the potential of nanopore sequencing has not been extended in this area. To help the grapevine industry to design an efficient management tool, rapid and early detection tools are needed. MinION is a low-cost and disposable sequencer that can be easily used without the need for costly advanced equipment. For using nanopore sequencing as a diagnostic tool, total RNA and dsRNA extraction methods and the different library preparation kits are compared. Our preliminary results from dsRNA libraries were comparable with short-read sequencing results from Illumina Miseq sequencer. Although several challenges, such as error correction and base modification detection, need to be resolved, the valuable potential of nanopore technology for massively parallel sequencing (MPS) should not be overlooked. With early detection, it is possible to identify the viral threat and then develop a novel tool to trigger disease resistance by using RNA interference (RNAi) through the exogenous application of double-stranded RNAs (dsRNAs) in *V. vinifera*. The dsRNAs will be synthesized *in vivo* (through *Pseudomonas syringae* production system) and *in vitro* (chemically-based) methods and be placed into clay nanosheets (Bioclay). Then these RNA-Bioclay complexes will be transferred to grapevines through topical application, trunk injection, and petiole absorption. The delivery and activity of these RNA molecules in field conditions will be analyzed by biological and biotechnological methods.

Des extraits d'écorces de la forêt boréale pour réduire la croissance in vitro de *Streptomyces scabiei* et les symptômes de la gale commune dans un cycle de production de pomme de terre en serres

S. Cloutier¹, J. Legault², A. Bédard³, M.C. Paré¹

¹ Laboratoire d'écologie végétale et animale, Département des sciences fondamentales, Université du Québec à Chicoutimi, Saguenay (Québec), Canada G7H 2B1

² Laboratoire d'analyse et de séparation des essences végétales (LASEVE), Département des sciences fondamentales, Université du Québec à Chicoutimi, Saguenay (Québec), Canada G7H 2B1

³ La Patate-Lac-Saint-Jean Inc., Péribonka (Québec), Canada GOW 2G0

La gale commune, principalement causée par *Streptomyces scabiei*, est une maladie importante qui dégrade la qualité des pommes de terre (*Solanum tuberosum*). L'utilisation de fumigants peut atténuer les symptômes de la maladie, mais le développement d'alternatives efficaces et à plus faibles impacts environnementaux demeure nécessaire. Les objectifs de cette étude sont d'évaluer *in vitro* l'effet d'extraits d'écorces sur la survie de trois souches de *S. scabiei* et de déterminer, en serres, l'effet des extraits les plus efficaces sur les symptômes de la gale commune et la croissance de cultivars de pomme de terre. *In vitro*, le type d'extrait a eu un effet significatif sur la survie de *S. scabiei*, avec des concentrations inhibitrices inférieures pour les extraits de conifères (IC₅₀ < 48 µg mL⁻¹) comparativement aux feuillus (IC₅₀ > 100 µg mL⁻¹). Les trois souches de *S. scabiei* ont réagi de manière similaire à l'ajout des extraits. En serres, des doses de 0,033 et 0,065 kg m⁻² en extraits de conifères ont permis de réduire significativement la sévérité de la gale de 48 % sans affecter négativement la croissance de *Solanum tuberosum*, et ce, pour tout cultivar. Ces extraits pourraient représenter une alternative aux fumigants nocifs utilisés pour réduire la gale commune.

Identification des espèces de *Phytophthora* dans les cultures québécoises de sapins de Noël et validation de la pathogénicité de *P. abietivora*

J. Yergeau^{1,2}, G. Charron³, H. Van der Heyden³, C. Beaulieu¹, P. Tanguay²

¹Département de biologie, Université de Sherbrooke, Sherbrooke (Québec), Canada J1K 2R1

²Ressources Naturelles Canada, Centre de foresteries des Laurentides, Québec (Québec), Canada G1V 4C7

³Compagnie de recherche Phytodata Inc., Sherrington (Québec), Canada J0L 2N0

Les productions d'arbres de Noël sont vulnérables aux maladies infectieuses, dû à leur faible diversité génétique et à une grande promiscuité des individus, ce qui les désavantage lors de l'émergence d'un pathogène. Il existe peu d'informations sur l'identité des agents pathogènes du genre *Phytophthora* causant la pourriture racinaire présents au Québec, d'où l'intérêt de mon projet. L'identification des espèces a été réalisée avec des échantillons de sols et de racines d'arbres malades et sains. La méthode de capture sélective des oomycètes a été utilisée, puis l'ADN extrait, amplifié par PCR, et enfin, séquencé pour l'identification. Une fois identifiée, la pathogénicité de l'espèce dominante, *P. abietivora*, a été réalisée grâce aux postulats de Koch en inoculant des semis d'arbres de Noël. L'effet du pathogène a été observé pendant trois mois et ensuite, il a été résolu. Ces expériences démontrent la présence de certaines espèces de *Phytophthora* associées aux plantations de sapins de Noël et la pathogénicité de l'espèce *P. abietivora*. Ces résultats pourront servir à la construction d'outils moléculaires de détection pour les producteurs, afin de détecter les endroits contaminés et permettre l'adoption de mesures de prévention qui contribueront à limiter les pertes liées aux infections des plants par les *Phytophthora*.

Identification de problèmes phytosanitaires de la vigne : association de l'imagerie proximale et de l'apprentissage profond

J. Boulent^{1,2,3}, S. Foucher², J. Théau^{1,3}

¹Département de géomatique appliquée, Université de Sherbrooke, Sherbrooke (Québec), Canada J1K 2R1

²Centre de recherche informatique de Montréal, Montréal (Québec), Canada H3N 1M3

³Centre de la science de la biodiversité du Québec, Stewart Biology, Université McGill, Montréal (Québec), Canada H3A 1B1

Du fait des changements climatiques et des exigences environnementales qui se renforcent, la viticulture doit faire évoluer ses pratiques culturales, notamment pour limiter la consommation de pesticides. L'introduction d'outils de prospection automatique permettrait de connaître précisément l'état de santé des vignobles, une information précieuse pour une protection durable. Depuis 2016, grâce à l'apprentissage profond et à ses réseaux de neurones convolutifs (RNCs), de grands progrès ont été réalisés en diagnostic automatique à partir d'images. Deux cas d'études utilisant des RNCs dans le but de reconnaître des symptômes de deux maladies de la vigne (le mildiou et la flavescente dorée) sont ici présentés. Plusieurs aspects nécessaires au développement d'un outil de prospection ont été étudiés en parallèle, comme la robustesse des modèles face à des images prises en milieu non contrôlé et comprenant différents stades phénologiques, plusieurs symptômes ou encore plusieurs cépages.

A new approach to identify *Phytophthora sojae* resistance genes in soybean

Y. Asselin¹, C. Labbé^{1,2}, B. Boyle², F. Belzile^{1,2}, R.R. Bélanger¹

¹Department of Plant Science, Université Laval, Quebec (Quebec), Canada G1V 0A6

²Institut de biologie intégrative et des systèmes (IBIS), Université Laval, Quebec (Quebec), Canada G1V 0A6

Phytophthora sojae is an oomycete causing considerable yield losses in all soybean (*Glycine max*) producing regions worldwide. The use of resistance genes (*Rps*), which induce an efficient recognition process that circumscribes the invading pathogen, is an efficient non-chemical approach that allows an innate protection to the plant. There are currently up to 33 different *Rps* genes and alleles identified, but few, if any, have been precisely mapped and sequenced. This gap of knowledge is causing serious limitations on the exploitation of those genes. In this project, our objective is to identify *Rps1*, 3 and 6. For this purpose, we scanned the reference genome of soybean and assembled the sequences of all members of the *nucleotide-binding leucine-rich repeat* (NLR) gene family, allegedly responsible for the resistance. A set of about 80,000 complementary RNA baits was then designed to capture specifically those NLRs. We performed the baiting on two sets of soybean differentials, i.e., contrasting pairs of near-isogenic lines (NILs) carrying different *Rps* genes, but otherwise identical across the rest of the genome. After sequencing, we assembled and compared the different haplotypes and associated them with resistance to *P. sojae* through an improved phenotypic assay.

Cpn60UT as a taxonomic and diagnostic marker for *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis*

A.-S. Brochu¹, C. Labbé^{1,2}, R. Bélanger^{1,2}, E. Pérez-López^{1,2} ✉

¹Department of Plant Science, Université Laval, Quebec (Quebec), Canada G1V 0A6. ✉ edel.perez-lopez.1@ulaval.ca

²Centre de recherche et d'innovation sur les végétaux (CRIV), Université Laval, Quebec (Quebec), Canada G1V 0A6.

The greenhouse industry in Quebec has been expanding at a fast pace in the last years. Among the different crops, tomato (*Solanum lycopersicum* L.) accounts for close to 50% of greenhouse production, contributing millions of dollars to the Canadian economy. The monoculture characteristic of greenhouses increases the risk of developing diseases. Bacterial canker of tomato caused by *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* (*Cmm*) is one of the main diseases putting at risk greenhouse tomato production. In greenhouses, *Cmm* is easily propagated by seeds, tools, or transplants, and as supported in recent accounts, by contaminated substrate and water. Control of the disease is further complicated by the presence of asymptomatic plants that can be a source of inoculum and an unknown diversity of *Cmm*. These challenges have prompted the development of new identification tools through the study of the chaperonin-60 universal target (*cpn60UT*) as a taxonomic and diagnostic marker for *Cmm*. After amplifying and sequencing the *cpn60UT* from *Cmm* strains and compared with other different *Clavibacter* spp., we were able to design a *cpn60UT*-based TaqMan real-time PCR (qPCR) that detects and quantifies low concentrations of the bacteria in infected plant material and soil. Further validations of the assay are ongoing in order to offer growers better preventive approaches against the disease.

Analyse moléculaire à grande échelle de la diversité fongique de la pourriture des fruits de la canneberge au Québec

M. Conti, K. Aghel, B. Cinget, C. Labbé, Y. Asselin, A.-S. Brochu, S. Michaud, R.R. Bélanger

Centre de recherche en innovation des végétaux, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1V 0A6

De par leur nature diverse et complexe, les champignons causant la pourriture des fruits de la canneberge (PFC) n'ont jamais pu être caractérisés précisément à grande échelle. Dans cette étude, un nouvel outil de diagnostic moléculaire a été exploité pour mieux définir l'impact de la maladie dans les cannebergères du Québec. Pour ce faire, 126 champs et près de 8000 fruits ont été échantillonnés et soumis à des analyses comparatives de la présence et de l'abondance des champignons selon les pratiques culturales, les périodes d'échantillonnage et les cultivars. Les analyses ont révélé que quatre espèces, *Godronia cassandrae*, *Colletotrichum fructivorum*, *Allantophomopsis cytispora*, et *Coleophoma empetri* étaient systématiquement prédominantes, quels que soient les paramètres étudiés. Les productions conventionnelles, par rapport aux productions biologiques, ont montré une réduction significative de la richesse fongique et de l'abondance relative des espèces. Par ailleurs, l'analyse comparative des fruits au champ ou en entrepôt, ou entre cultivars, a révélé une surprenante similarité au niveau des espèces associées à la PFC. Cette analyse à grande échelle permet de dresser un portrait exhaustif de la maladie au Québec et apporte de nouvelles informations quant à sa gestion.

Étude de la régulation transcriptionnelle de l'interaction hôte-pathogène *Ulmus americana* – *Ophiostoma* spp.

T.C. de Oliveira, L. Bernier

Centre d'étude de la forêt (CEF) et Institut de biologie intégrative et des systèmes (IBIS), Université Laval, Québec (Québec), Canada G1V 0A6

L'orme d'Amérique (*Ulmus americana*), une essence très prisée en raison de sa valeur ornementale, a subi deux épidémies successives de maladie hollandaise de l'orme (MHO) causées par les champignons ascomycètes *Ophiostoma* spp. Afin d'identifier des gènes liés à la pathogénicité de différentes souches d'*Ophiostoma*, ainsi que des gènes liés à la réponse immunitaire de l'orme suite à l'infection, nous avons inoculé sept souches d'*Ophiostoma* à de jeunes arbres et prélevé des tissus d'orme après 3 et 10 jours d'infection. Des analyses d'expression différentielle ont été effectuées, suite au séquençage RNAseq, sur un total de 8 640 gènes d'*Ophiostoma* et 23 435 gènes d'*Ulmus*. Nous observons une différence dans l'expression des gènes chez les deux organismes en fonction de la souche inoculée et du temps d'infection. Certains gènes surexprimés chez les souches les plus virulentes d'*Ophiostoma* codent pour des hydrolases qui agissent possiblement en synergie, ainsi que pour des protéines s'apparentant à des effecteurs. Chez les ormes, on observe des gènes surexprimés liés à la synthèse de métabolites secondaires en présence des souches d'*Ophiostoma* les plus virulentes, ainsi que des gènes liés à la dégradation de xénobiotiques. Les connaissances acquises permettront de développer de nouvelles méthodes dans la lutte contre la MHO.

Caractérisation moléculaire des événements de SUMOylation impliqués dans la voie des gibbérellines : équilibre entre croissance et réponse aux stress chez *Arabidopsis thaliana*

S. Jmii, L. Cappadocia

Département de chimie-biochimie, Université du Québec à Montréal, Montréal (Québec), Canada H2X 2J6

Les plantes sont des cibles directes des changements climatiques qui entraînent inondations, sécheresses et augmentation de la salinité des sols. Des études ont montré qu'une modification post-traductionnelle des protéines, la SUMOylation, joue un rôle important dans la réponse des plantes aux stress environnementaux en régulant plusieurs voies de signalisations. La SUMOylation intervient notamment au niveau de la voie des gibbérellines, une famille de phytohormones impliquées dans la croissance normale des végétaux. L'objectif de cette étude est de déterminer comment la SUMOylation module les déterminants moléculaires de la voie des gibbérellines chez l'organisme modèle *Arabidopsis thaliana*. Pour ce faire, les protéines de la mécanistique enzymatique de la SUMOylation ainsi que leurs substrats; les protéines nucléaires DELLA, GID1 et SL1 impliquées dans la voie des gibbérellines, ont été exprimées de manière hétérologue chez *Escherichia coli* et purifiées par chromatographie. Les protéines seront modifiées par une étape de SUMOylation in vitro. Nous collecterons ensuite des données biophysiques et nous éluciderons par cristallographie la structure tridimensionnelle de complexes protéiques reconstitués. Ceci permettra de comprendre l'implication de la SUMOylation dans l'interaction entre les protéines. Ultiment, les connaissances obtenues permettront de sélectionner des plantes capables de mieux résister aux stress environnementaux.

Caractérisation et diversité pancanadienne des *Verticillium* spp. impliqués dans la mort prématurée des pommes de terre (PED)

C.-E. Quinche-Gonzalez^{1,2}, T. Arseneault¹, E. Yergeau²

¹Centre de recherche et développement en horticulture, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Saint-Jean-sur-Richelieu (Québec), Canada J3B 3E6

²Institut Armand-Frappier, Institut national de la recherche scientifique (INRS), Laval (Québec), Canada H7V 1B7

La mort prématurée de la pomme de terre (PED) limite de façon majeure les rendements des agriculteurs dans toutes les provinces canadiennes productrices de pommes de terre. Des pertes allant jusqu'à 30 à 50 % ont été enregistrées. La maladie est principalement causée par le champignon du sol *Verticillium*, dont *V. dahliae* est le plus répandu au Canada avec une capacité d'agressivité variable selon l'isolat. D'autres agents pathogènes peuvent également être impliqués dans ce complexe pathogène, comme le nématode *Pratylenchus penetrans*, qui peut endommager le tissu racinaire et faciliter l'introduction des *Verticillium* spp. Plus de 150 souches de *V. dahliae* ont été isolées à partir du sol provenant de six provinces canadiennes. Ces souches seront caractérisées en fonction de leur diversité génétique des populations (SNP et groupes végétatifs compatibles [VCG]), de leur agressivité et de leurs interactions avec *P. penetrans*. L'ADN des souches sera extrait et séquencé par génotypage par séquençage (GBS). Cela permettra de mieux comprendre le complexe PED et son impact sur l'agressivité de *V. dahliae* afin de trouver des solutions potentielles pour l'amélioration des rendements des producteurs.

I.A.I.A. : une application numérique développée pour la reconnaissance des insectes dans les grandes cultures au Québec

J. Saguez¹, Z. Wang², J. Blair²

¹CÉROM - Centre de recherche sur les grains, Saint-Mathieu-de-Beloil (Québec), Canada J3G 0E2

²Luna ID, Morriston (Ontario), Canada N0B 2C0

De nombreuses espèces d'insectes (ravageurs ou bénéfiques) sont présentes dans les grandes cultures. Leur reconnaissance et leur identification est une étape importante de la gestion intégrée des ennemis des cultures. La distinction entre un ravageur et un insecte bénéfique est parfois difficile, puisque certaines espèces se ressemblent. Il peut être nécessaire d'utiliser des guides et clefs d'identification ou d'avoir recours aux services de spécialistes pour confirmer l'identité d'une espèce. Au cours des dernières années, l'intelligence artificielle a permis de grandes avancées technologiques, notamment dans le domaine de l'analyse d'images et le développement d'algorithmes de reconnaissance pour développer des outils d'aide à la décision. L'intelligence artificielle est au service de nombreux domaines, dont l'agriculture, la phytoprotection et l'entomologie. Notre objectif était de développer une application numérique destinée aux intervenants du milieu agricole et permettant de reconnaître des insectes ravageurs et bénéfiques. Pour cela, près de 1000 photos ont été prises par espèce et par stade de développement (larves et adultes). Ces photos ont servi à entraîner un modèle qui est capable de reconnaître une vingtaine d'espèces d'insectes différentes. Le taux de reconnaissance est supérieur à 90 % et les résultats sont meilleurs lorsque les insectes sont pris en photo sur fond blanc.

A reliable hybrid machine learning model for actual active ingredient rate forecasting: one step forward to reduce potential risks to golfers and the environment

G. Grégoire¹✉, J. Fortin², I. Ebtehaj², H. Bonakdari²

¹Department of Plant Science, Université Laval, Quebec (Quebec), Canada G1V 0A6. ✉ guillaume.gregoire@fsaa.ulaval.ca

²Department of Soil and Agri-Food Engineering, Université Laval, Quebec (Quebec), Canada G1V 0A6

Since 2006, golf courses in Quebec must submit a pesticide reduction plan to the Ministry of Environment every three years. Using data from this comprehensive database, the current proposal explores for new avenues in reducing potential risks to golfers and the environment based on a novel machine learning tool. The main objective is to build a comprehensive methodology that bridges environmental and golf course variables and related pesticide use evolution in Quebec Province. A new hybrid supervised machine learning-based technique (ML) was developed to estimate pesticide use on golf courses based on the applied active ingredient rate (AAIR). More than thirteen thousand collected samples were employed to develop the AAIR prediction model. The performance of the developed hybrid ML model proved to be high (with a correlation coefficient of 0.99) in AAIR forecasting. Using the developed hybrid model, AAIR could be estimated for each region with different conditions including weather, golf course, and region. This is the first time that such a hybrid model was constructed and used to estimate pesticide use evolution based on applied active ingredient rates. Using the developed hybrid machine learning tool, the impact of climate change AAIR could be investigated.

Effect of arbuscular mycorrhizal fungi and oyster shell powder on cocoa seedlings growth and resistance against *Phytophthora megakarya* (causal agent of black pod disease) in nursery

M.P. Tene Tayo^{1,2}✉, A. Dzelamonyuy^{1,2}, T. Boudjeko^{1,2}

¹Laboratory of Phytoprotection and Plant Valorization, Biotechnology Center, University of Yaounde 1, P.O. BOX 3851 Messa Yaounde, Cameroon. ✉ tenetayo@yahoo.com

²Department of Biochemistry, University of Yaounde 1, P.O. BOX 812, Yaounde, Cameroon

Application of organic amendments such as arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) as well as chitinous sources has been proposed as a strategy for the management of diseases caused by soil-borne pathogens. The aim of this study was to evaluate the combined effect of AMF and oyster shell powder soil amendment to enhance cocoa seedling growth and induce resistance against *Phytophthora megakarya* under nursery conditions. The results showed that AMF combined with oyster shell powder soil amendment significantly increased plant height, leaf number, leaf area, dry shoot and root weight more than chemical fungicide treatment after five months of growth. This treatment raised soil pH significantly and decreased *P. megakarya* load of the soil suspension by 82%. Leaf inoculation showed the weakest disease severity index (highest level of resistance) recorded in plants treated either with AMF and oyster shell powder combined. Moreover, this resistance was correlated with the increased expression level *TcPer-1*, *TcGlu1*, *TcChiB* and *TcMYBPA* genes before and after infection. These findings demonstrated that AMF and oyster shell powder combined could be used as biofertilizer and biofungicide to improve the quality of cocoa seedling production and their resistance against *P. megakarya*.

Grapevine soil viromics: new insights into the viral component of the soil microbiome

A. Poursalavati^{1,2}, I. Laforest-Lapointe², M.-L. Fall¹

¹Saint-Jean-sur-Richelieu Research and Development Centre, Agriculture and Agri-Food Canada, Saint-Jean-sur-Richelieu (Quebec), Canada J3B 7B5

²Department of Biology, Université de Sherbrooke, Sherbrooke (Quebec), Canada J1K 2R1

In soil, despite the great diversity and abundance of viruses and virus-like particles, most microbiome studies have focused on bacterial, fungal, and nematode communities. Thus, the impacts of soil viruses on microbial communities and viral diversity in agricultural soils are understudied. Because viruses infect all living microorganisms in the soil, they could serve as potential bioindicators of soil health. To discover the potential effect of the soil viruses on the microbiome as well as grape production, we first optimized and developed two specific protocols for viral nucleic-acid extraction. Using these protocols, we aim to analyze viromic data and create soil-viral interaction networks. In the next step, we will determine the relationship between bacterial and fungal diversity with soil viral diversity and abundance. Also, we will measure grapevine vigour through remote sensing technologies. This study will bring new knowledge on soil viruses to identify soil health bioindicators. In addition, results will improve our understanding of how viruses participate in soil biogeochemical processes. Finally, this study will open new avenues for manipulating the soil bacterial population for carbon sequestration to increase vineyard soil fertility.

La modulation de la distribution des racines de laitue en fonction de la composition microbienne du sol : l'accent sur le virome en sol organique

A. Larafa^{1,2}, P.-L. Chagnon², M.-L. Fall¹

¹Centre de recherche et de développement de Saint-Jean-sur-Richelieu, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Saint-Jean-sur-Richelieu (Québec), Canada J3B 3E6

²Département de sciences biologiques, Université de Montréal, Montréal (Québec), Canada H2V 0B3

Bien que plusieurs études aient montré que les virus du sol jouent un rôle important dans la mortalité microbienne, qu'ils affectent le cycle du carbone et le cyclage des nutriments, nos connaissances sur les causes et les conséquences de leur diversité sont limitées. Ceci est en partie dû à un manque de méthodes standardisées pour isoler les particules virales dans les écosystèmes édaphiques, alors que la majorité des progrès en virologie environnementale se sont faits dans les écosystèmes marins. Ce manque de connaissances est en partie dû à la complexité de la matrice du sol, qui nécessite des méthodologies particulières et bien conçues pour accéder à la diversité cachée. La matrice du sol organique présente plusieurs défis techniques liés à la séparation, à l'isolement et à l'extraction du matériel génétique viral dû à la variété d'inhibiteurs existant dans ces sols. Les sols organiques présentent un haut taux de matière organique et selon les pratiques agricoles peuvent comporter des taux de métaux lourds (p. ex., le cuivre) à des doses variables. Dans cette étude, nous allons, d'une part, optimiser des techniques de détection des virus dans le sol et, d'autre part, étudier l'impact du cuivre sur la diversité et l'abondance des microorganismes du sol. Nous allons aussi évaluer l'impact des bactériophages sur la population microbienne dans trois différents types de sols (sol autoclavé, sol sans traitement, sol traité avec du cuivre) et la réponse de la plante, en termes de biomasse racinaire et d'emplacement préférentiel de ses racines.

Validation of prediction models for sclerotinia stem rot (*Sclerotinia sclerotiorum*) in soybean (*Glycine max*) in Quebec

C. Morier-Gxoyiya¹✉, T. Copley², G. Bourgeois³, V. Gravel¹

¹Department of Plant Science, McGill University, Sainte-Anne-de-Bellevue (Quebec), Canada H9X 3V9

✉ cesaree.morier-gxoyiya@mail.mcgill.ca

²CÉROM - Centre de recherche sur les grains, Saint-Mathieu-de-Beloeil (Quebec), Canada J3G 0E2

³Agriculture and Agri-Food Canada, Saint-Jean-sur-Richelieu (Quebec), Canada J3B 7B5

Sclerotinia Stem Rot (SSR) in soybean (*Glycine max*) is a disease caused by the fungal pathogen *Sclerotinia sclerotiorum* which leads to yield losses for farmers in Quebec. The disease is commonly managed by chemical fungicides sprayed during the crop's vulnerable growth stages. However, whether pesticides are needed depends in part on the environmental conditions prevailing prior to and during the soybean flowering period. Unnecessary or improperly timed fungicide applications are costly, not only economically, but also environmentally. From 2019 to 2021, preconditioned *S. sclerotiorum* sclerotia were placed in soybean plots throughout Quebec. Plots were scouted for the presence of apothecia and SSR disease development. Observations were used to evaluate the ability of previously published bioclimatic SSR models to predict the formation of *S. sclerotiorum* apothecia in Quebec through receiver operating characteristic (ROC) curve analysis. Results from 2019 and 2020 showed that the most accurate published models used maximum temperature alone or maximum temperature, wind speed and relative humidity, with an accuracy of 80.0% and 75.9% respectively at a probability threshold of 40%. These results suggest that published models provide a reliable basis for the development of an adapted SSR forecasting system for Quebec soybean growers.