

Phytoprotection



Société de protection des plantes du Québec 96^e Assemblée annuelle (2004) , Sherbrooke (Québec), 17 et 18 juin 2004 Quebec Society for the Protection of Plants 96th Annual meeting (2004), Sherbrooke (Quebec), 17 and 18 June 2004

Volume 85, numéro 1, avril 2004

URI : <https://id.erudit.org/iderudit/008908ar>

DOI : <https://doi.org/10.7202/008908ar>

[Aller au sommaire du numéro](#)

Éditeur(s)

Société de protection des plantes du Québec (SPPQ)

ISSN

0031-9511 (imprimé)

1710-1603 (numérique)

[Découvrir la revue](#)

Citer cet article

(2004). Société de protection des plantes du Québec 96^e Assemblée annuelle (2004) , Sherbrooke (Québec), 17 et 18 juin 2004. *Phytoprotection*, 85(1), 53–60.
<https://doi.org/10.7202/008908ar>

**Société de protection des plantes du Québec
96^e Assemblée annuelle (2004)
Quebec Society for the Protection of Plants
96th Annual meeting (2004)**

Sherbrooke (Québec), 17 et 18 juin 2004
Sherbrooke (Quebec), 17 and 18 June 2004

Utilisation de cals pour l'étude de la maladie hollandaise de l'orme *in vitro*

M. Aoun¹, D. Rioux², M. Simard², F. Tremblay¹, V. Jacobi¹ et L. Bernier¹. ¹Centre de recherche en biologie forestière, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1K 7P4; ²Service canadien des forêts, Centre de foresterie des Laurentides, Sainte-Foy (Québec), Canada G1V 4C7

Dans le cadre du projet canadien de génomique des champignons ophiostomatoïdes, la pathogénicité d'*Ophiostoma novo-ulmi*, l'agent principal de la maladie hollandaise de l'orme, fait l'objet d'études détaillées. En vue d'identifier des gènes de pathogénicité, un système d'interaction *in vitro* a été établi. Nous avons inoculé des cellules levuriformes d'*O. novo-ulmi* à des cals durs ainsi qu'à des cals mous d'orme susceptible (*Ulmus americana*) et nous avons étudié l'infection de ces cals en microscopie photonique et électronique à 24, 48, 72 et 96 h suivant l'inoculation. Le champignon s'est développé sous forme mycélienne dans les cals où il a pu être observé à partir de 48 h après inoculation, et ce, chez les deux types de cals étudiés. Les hyphes et les spores occupent principalement les espaces intercellulaires bien que des cellules végétales contenaient des cellules de champignon à l'occasion. Certains mécanismes de défense semblent être stimulés par la présence d'*O. novo-ulmi* dans le cal, notamment l'accumulation de composés phénoliques dans les cellules végétales et la production de subérine dans leurs parois. La subérine a été mise en évidence par des tests histo-chimiques et par l'observation de lamelles typiques en microscopie électronique à transmission. Ce système *in vitro* sera utilisé afin de produire une banque d'expression enrichie en séquences géniques principalement exprimées durant l'interaction entre le champignon et l'orme.

Suivi des populations microbiennes en lutte biologique : un outil pour expliquer les inconsistances dans l'efficacité des produits biologiques en phytoprotection

C. Beaulieu, K. Prévost et G. Couture. Département de biologie, Université de Sherbrooke, Sherbrooke (Québec), Canada J1K 2R1

L'efficacité d'une souche d'actinomycète, le *Streptomyces melanosporofaciens* EF-76, et du chitosane à lutter contre la gale commune a été testée en champ durant trois années. Chacun des produits s'est révélé efficace à réduire la gale commune au moins une

année sur trois mais aucun des deux produits n'a été efficace durant les trois années d'essai. L'application combinée de l'actinomycète et du chitosane a, par contre, réduit l'incidence de la maladie et la sévérité des symptômes au cours des trois ans d'expérimentation. Des analyses microbiologiques des sols et des tubercules de pomme de terre ont été effectuées en 2003, année où l'utilisation séparée des deux produits de lutte biologique ne s'est pas traduite par un contrôle de la gale commune. Le *Streptomyces melanosporofaciens* EF-76 et le chitosane utilisés séparément ou en combinaison modifient peu la population bactérienne au niveau des sols. Par contre, la microflore des tubercules récoltés variait entre les traitements. Les tubercules provenant des parcelles traitées avec le chitosane et avec une combinaison de chitosane et de la souche EF-76 avaient une population significativement plus importante en actinomycètes résistants à la geldanamycine, un antibiotique produit par l'agent de lutte biologique. Ces résultats nous portent à croire que le chitosane pourrait favoriser l'établissement sur les organes souterrains de la pomme de terre de *Streptomyces melanosporofaciens* EF-76 et d'autres souches actinomycétales.

Identification des champignons de bleuissement associés à leurs vecteurs, les scolytes de l'écorce (Coleoptera : Scolytidae), dans l'épinette blanche M.-É. Beaulieu et L. Bernier. Centre de recherche en biologie forestière, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1K 7P4

Les champignons de bleuissement appartiennent pour la plupart aux genres *Ophiostoma*, *Ceratocystis*, *Graphium*, *Leptographium* et *Pesotum*. Ils colonisent et colorent le bois des arbres moribonds ou morts récemment sans en affecter la structure. Ils causent toutefois des pertes économiques énormes pour l'industrie forestière. Le commerce international a pour conséquence de disperser ces champignons à grande échelle. Pour cette raison, il est important de s'armer de connaissances autant sur l'écologie que sur la biodiversité de ces organismes, afin d'empêcher éventuellement l'introduction de champignons potentiellement envahissants ou pathogènes dans les écosystèmes québécois. Aussi, nous avons entrepris d'explorer la biodiversité des champignons de bleuissement transportés par leurs vecteurs, des coléoptères appelés scolytes de l'écorce (Coleoptera : Scolytidae), dans des billes d'épinette blanche. Des dispositifs expérimentaux composés de bûches-appâts ont été disposés en trois endroits au Québec,

afin d'y récolter des scolytes. L'identification de ces insectes se fait par l'observation de caractères morphologiques microscopiques et macroscopiques sur des spécimens adultes. Par la suite, on a isolé les spores de champignons de bleuissement présentes sur deux espèces de scolytes récoltés, le *Polygraphus rufipennis* et le *Dryocoetes affaber*. Afin d'identifier sans ambiguïté les champignons de bleuissement, nous développons des marqueurs moléculaires spécifiques à ce groupe d'espèces, à partir des polymorphismes de longueur de fragments de restriction de gènes codant pour l'ADN ribosomal. Une fois ces marqueurs bien établis, il sera possible de vérifier l'identification morphologique des champignons de bleuissement et d'établir des associations entre les scolytes et les espèces fongiques qu'ils transportent.

Études protéomiques des interactions entre les actinomycètes et les plantes

J. Beauséjour¹, P. Langlois¹, A. Lauzier¹, S. Bourassa², G.G. Poirier² et C. Beaulieu³. ¹Medicago, Québec (Québec), Canada G1V 3V9; ²Unité de santé et environnement, Pavillon CHUL, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1K 7P4; ³Département de biologie, Université de Sherbrooke, Sherbrooke (Québec), Canada J1K 2R1

Les actinomycètes sont des bactéries à Gram positif qui interagissent avec les plantes. Si certaines rares espèces causent des maladies végétales, la plupart des actinomycètes sont saprophytes. Parmi les actinomycètes saprophytes, plusieurs se sont révélés être des organismes utiles en phytoprotection car ils réduisent l'incidence de diverses maladies végétales. Malgré l'intérêt croissant pour les actinomycètes phytopathogènes et les actinomycètes antagonistes aux agents phytopathogènes, on connaît encore bien peu de choses sur les propriétés bactériennes qui participent à la colonisation des plantes ou sur les mécanismes qui régulent les interactions entre les actinomycètes et les plantes. La protéomique nous a servi d'outil pour analyser les interactions plante-actinomycète. Trois modèles d'étude ont été adoptés : 1) comparaison des protéomes de *Streptomyces coelicolor*, un actinomycète saprophyte, obtenus en présence et en absence d'un organisme végétal; 2) comparaison des protéomes de *S. scabiei*, un actinomycète phytopathogène, dans des conditions permettant ou ne permettant pas l'expression des gènes de virulence; et 3) comparaison des protéomes d'une souche sauvage de *S. scabiei* et d'un mutant non pathogène. Environ 50 % des protéines qui étaient induites ou réprimées dans l'une des deux conditions de croissance ont pu être identifiées par diverses techniques de spectrométrie de masse. Pour le premier système, les protéomes différaient au niveau de trois types de protéines : les protéines impliquées dans le métabolisme énergétique ou la synthèse protéique, les protéines impliquées dans l'acquisition de carbone et, finalement, les protéines de stress. À ces trois groupes de protéines s'ajoutaient des protéines associées au pouvoir pathogène dans le cas des deux derniers systèmes. Certains des gènes correspondant aux protéines identifiées ont été clonés dans le but d'étudier davantage leur implication dans les interactions entre les plantes et les microorganismes.

Les degrés-jours comme outil de détermination du moment optimal de la première application d'insecticide contre les larves du doryphore de la pomme de terre : l'expérience de Deschambault

B. Bélanger et D. Pagé. Institut de recherche et de développement en agroenvironnement, Sainte-Foy (Québec), Canada G1P 3W8

Au Québec, le doryphore de la pomme de terre, *Lepidotarsa decemlineata*, est considéré comme un ravageur majeur de cette culture. L'usage des insecticides est une pratique courante dans la lutte contre cet insecte. À la fin des années 1980, le doryphore est devenu résistant à plusieurs de ces produits. À cette époque, l'arrivée d'insecticides à base du *Bacillus thuringiensis* est venue renforcer l'arsenal des producteurs. Ces produits sont reconnus pour être surtout efficaces sur les jeunes larves. Dans ce contexte, Zehnder a développé une méthode qui permet de déterminer le pic d'apparition des jeunes larves et d'y faire coïncider un premier traitement insecticide. Au Québec, J. Desaulniers a adapté cette méthode et proposé une approche qu'on appelle le « boum d'éclosion » des masses d'oeufs. Cette méthode qui demande un suivi important sur le terrain l'a amené également à proposer l'utilisation des degrés-jours (DJ) comme outil de prédiction. Dans son mémoire de maîtrise, J. Desaulniers propose $185 \pm 20,3$ DJ (base 10°C) entre le début de la ponte et une première application d'insecticide. Dans le cadre de nos travaux sur le doryphore à Deschambault, nous utilisons la technique du « boum d'éclosion ». Au cours de 5 des 7 dernières années où la technique a pu être utilisée dans son intégralité, nous avons calculé, *a posteriori*, que le nombre de degrés-jours écoulés durant cette période se situait en moyenne à $175,1 \pm 10,1$ DJ. Nos mesures confirment la robustesse de l'approche utilisant les degrés-jours.

Mise au point de marqueurs moléculaires pour la sélection assistée de la résistance au charbon nu de l'orge

J. Belzile², S. Marchand¹, C. Dallaire¹ et F.J. Belzile¹. ¹Faculté des sciences de l'agriculture et de l'alimentation, Département de phytologie, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1K 7P4; ²Pioneer Hi-Bred Production Ltée, Co-teau-du-Lac (Québec), Canada J0P 1B0

Le charbon nu de l'orge est causé par le champignon *Ustilago nuda*. Ce basidiomycète infecte les fleurs et l'embryon des graines en formation. Ces graines produiront, l'année suivante, des plantes dont les épis présenteront une masse noirâtre caractéristique du charbon nu. Le cycle évolutif de l'agent pathogène, lequel se déroule sur deux saisons, rend laborieuse et onéreuse la sélection de lignées plus résistantes. L'utilisation de marqueurs moléculaires pourrait accroître l'efficacité de la sélection de lignées résistantes. Une population de cartographie composée de 157 lignées haploïdes doublées en ségrégation pour la résistance à l'*U. nuda* a été produite à partir d'un croisement entre un cultivar sensible (ACCA) et une lignée résistante (CI9973). Le phénotype des lignées HD a été évalué suite à l'infection avec le pathotype 72-66 (cinq répétitions, en serre). La distribution phéno-

typique observée a suggéré que la résistance au charbon nu est déterminée par plusieurs gènes. Une carte génétique a été construite à l'aide de 160 marqueurs AFLP et de 19 marqueurs microsatellites. L'analyse QTL a permis d'identifier cinq régions génomiques contribuant à la résistance au charbon nu. Le QTL le plus significatif est situé sur le chromosome 2H et explique à lui seul environ 30 % de la variance phénotypique observée. Ces nouvelles connaissances seront utiles pour développer des outils de sélection plus efficaces pour la résistance génétique à l'*Ustilago nuda* chez l'orge.

Dynamique des populations de *Meloidogyne hapla* en sol organique : impact de l'hiver et des espèces cultivées

G. Bourgeois, G. Bélair, K. Couture et Y. Fournier. Centre de recherche et de développement en horticulture, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Saint-Jean-sur-Richelieu (Québec), Canada J3B 3E6

Le nématode des nodosités (*Meloidogyne hapla*) est un ravageur important dans la culture de la carotte. Afin de déterminer l'effet de l'hiver et des espèces cultivées sur les populations de ce ravageur, 126 microparcelles ont été établies en sol organique à la ferme expérimentale d'AAC à Sainte-Clotilde. Ces populations ont été estimées de 1991 à 2003 au printemps et à l'automne selon deux méthodes : un dénombrement de nodules sur racines de tomate (Bioessai) et un dénombrement de larves récupérées par l'assiette de Baermann. Pour chaque microparcelle et pour chaque année, les taux de changement hivernaux et estivaux ont été calculés. Le taux de changement hivernal vise à caractériser l'impact de l'hiver sur la survie des nématodes, tandis que le taux de changement estival vise à caractériser l'impact du type de culture sur la croissance de la population pendant l'été. En général, pour les deux méthodes utilisées, des taux de survie hivernale faible, intermédiaire et élevé ont été obtenus. Toutefois, cette classification des impacts hivernaux diffère entre les méthodes. Le Bioessai sur la tomate reflète les populations aux stades d'œuf et de larve, tandis que l'assiette de Baermann rend compte des populations larvaires seulement. Pour les changements estivaux, la culture de la carotte augmente les populations de nématodes, tandis que les oignons et les céréales réduisent les populations sans toutefois les éliminer.

Découverte et caractérisation *Mogwai*, premier transposon chez *Ophiostoma novo-ulmi*, agent de la graphiose de l'orme

G. Bouvet, V. Jacobi et L. Bernier. Centre de recherche en biologie forestière, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1K 7P4

Ophiostoma ulmi et *O. novo-ulmi*, les agents responsables de la maladie hollandaise de l'orme, font l'objet d'études depuis plus de trois décennies dans le but de comprendre le fonctionnement de ces organismes tant au niveau génotypique que phénotypique. Ces champignons dimorphiques phytopathogènes possèdent d'intéressantes caractéristiques (croisements interspécifiques et spéciation récente, potentiel

adaptatif aux mutations, etc.) qui ont permis de mettre en évidence une certaine variabilité génomique. Dans cette optique, l'étude des éléments de transposition, présents au sein du génome de tous les organismes, est devenue un axe de recherche à intégrer afin de comprendre et d'analyser la plasticité des génomes dans leur globalité. Les éléments transposables sont des séquences d'ADN ubiquistes capables de se déplacer d'un site chromosomique à un autre. La mobilité et le nombre de ces séquences sont de potentiels vecteurs de nombreuses mutations génétiques et de remaniements chromosomiques. Ces effets peuvent être favorables, néfastes ou neutres selon le niveau où l'on se place (moléculaire, cellulaire, complexe populationnel). L'évolution des éléments transposables (répartis en deux groupes principaux appelés types I et II) peut être abordée à partir de leur mode de transposition, de l'analyse de leur structure générale et/ou de leurs relations phylogénétiques. Ce dernier point révèle une grande plasticité, suggérant l'existence de nombreux échanges, acquisitions et/ou pertes au cours de leur évolution. *Mogwai*, transposon à ADN de type II, est le premier élément potentiellement mobile découvert au sein de la famille des Ophiostomatoïdes. Nous présentons ici la caractérisation moléculaire de cet élément, tant au niveau de sa structure que de sa distribution. Nous explorons également les différentes utilisations possibles de ce type d'élément pour la compréhension des interactions génomiques intra- et interspécifiques.

Étude comparative d'un système de désherbage de cultures tolérantes aux herbicides et d'un système de désherbage conventionnel

N. Chouinard et G.D. Leroux. Département de phytologie, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1K 7P4

Le glufosinate d'ammonium et le glyphosate sont des herbicides peu toxiques pour l'environnement et la santé humaine. L'avènement de ces herbicides non sélectifs à large spectre d'action, l'introduction de maïs tolérant au glufosinate (Liberty Link®) et l'introduction de soya tolérant au glyphosate (Roundup Ready®) ont permis de faciliter le désherbage dans le maïs et le soya avec l'emploi d'une seule matière active. L'objectif de l'étude était de démontrer qu'il est possible de réduire la pollution causée par les herbicides en appliquant le glufosinate et le glyphosate dans les cultures tolérantes, tout en conservant un niveau de contrôle des mauvaises herbes et un rendement comparable au système conventionnel. Le système de désherbage de maïs tolérant au glufosinate a procuré un rendement semblable à celui du système conventionnel. Le glufosinate en applications séquentielles ou en combinaison avec un herbicide résiduel a procuré un désherbage équivalent au système conventionnel dans le maïs tolérant. Le glufosinate en application unique a procuré un excellent désherbage en début de saison, mais l'absence d'activité résiduelle du glufosinate a occasionné un enherbement des parcelles en fin de saison. Le système de désherbage de soya tolérant au glyphosate a procuré un contrôle des mauvaises herbes supérieur au système conventionnel. Le rendement en grain du soya a été inférieur avec le glyphosate en

combinaison avec l'imazéthapyr comparativement au glyphosate appliqué seul. Ainsi, nous recommandons de faire deux applications séquentielles de glufosinate dans le maïs tolérant et d'utiliser le glyphosate en application unique dans les champs de soya tolérant peu enherbé afin de réduire la pollution par les herbicides dans l'environnement.

Optimisation de la production de geldanamycine par le *Streptomyces melanosporofaciens* souche EF-76, un agent de lutte biologique
N. Clermont et C. Beaulieu. Centre d'étude et de valorisation de la diversité microbienne, Département de biologie, Université de Sherbrooke, Sherbrooke (Québec), Canada J1K 2R1

Il a été démontré que le *Streptomyces melanosporofaciens* souche EF-76, un agent de lutte biologique, peut réduire les symptômes causés par la gale commune de la pomme de terre lorsqu'il est ajouté à un sol où le *Streptomyces scabiei*, le principal agent pathogène, prévaut. Le *S. melanosporofaciens* produit de la geldanamycine, un antibiotique de la classe des ansamycines démontrant une activité antagoniste envers plusieurs bactéries Gram positif. Afin de connaître les facteurs environnementaux qui régulent la biosynthèse de la geldanamycine, l'effet de la composition des milieux de culture et des conditions environnementales sur la production de l'antibiotique a été analysé. La synthèse de geldanamycine est plus élevée en milieu complexe (YME) qu'en milieu minimum. La présence de différents monosaccharides (glucose, fructose, mannitol) n'influence pas significativement la biosynthèse de l'antibiotique. Par contre, la production de geldanamycine a été stimulée par la présence de chitine et de xylane dans le milieu alors que d'autres polymères (chitosane et carboxyméthylcellulose) n'ont pas d'effets significatifs sur celle-ci. Une meilleure production de geldanamycine a été observée à pH neutre. Les résultats de cette étude donnent un aperçu des mécanismes de régulation de la biosynthèse d'un produit antimicrobien et permet l'identification de facteurs pouvant être manipulés afin d'améliorer la production de métabolites secondaires.

Évaluation de microorganismes antagonistes comme agents de lutte biologique contre le pourridié pythien (*Pythium ultimum*) chez la tomate de serre cultivée en laine de roche
V. Gravel¹, C. Martinez¹, H. Antoun² et R.J. Tweddell¹. ¹Centre de recherche en horticulture, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1K 7P4; ²Département des sols et de génie agroalimentaire, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1K 7P4

Chez la tomate de serre (*Lycopersicon esculentum*) produite en laine de roche, le pourridié pythien, causé par *Pythium ultimum*, entraîne une détérioration précoce du système racinaire résultant en des pertes importantes de rendement. Bien que certaines pratiques culturales soient recommandées afin de limiter l'introduction de l'agent pathogène, aucune méthode n'est efficace pour lutter contre cette maladie. Dans le contexte actuel où sont favorisées les approches n'impliquant pas de pesticides chimiques, l'utilisation

d'un biofongicide composé d'un ou de plusieurs microorganismes antagonistes pourrait s'avérer une alternative intéressante pour lutter contre cette maladie. Dans le cadre d'une étude multidisciplinaire visant à élaborer des substrats suppressifs envers *Pythium* spp., 28 microorganismes isolés de substrats de culture et antagonistes de *P. ultimum* ont été testés lors de deux essais en serre (culture d'été et d'automne) afin de déterminer leur potentiel comme agents de lutte biologique contre le pourridié pythien. L'évaluation du taux d'infection des racines et des paramètres de croissance de la plante durant ces essais a démontré que huit microorganismes (*Penicillium* spp., *Pseudomonas* spp. et *Trichoderma atroviride*) permettent de réduire l'incidence de la maladie tout en ayant un effet stimulant sur la croissance des plants. Ainsi, cette étude a permis d'identifier plusieurs microorganismes présentant un intérêt en vue d'une utilisation éventuelle en lutte biologique contre le pourridié pythien.

Développement d'une méthode d'identification moléculaire des principales espèces du genre *Fusarium* pathogènes aux céréales

R. Hogue¹, N. Daigle¹, S. Rioux², N. Bourget², M. Saint-Arnaud³ et E. Yergeau³. ¹Institut de recherche et de développement en agroenvironnement, Sainte-Foy (Québec), Canada G1P 3W8; ²Centre de recherche sur les grains inc. (CEROM), Sainte-Foy (Québec), Canada G1P 3W8; ³Institut de recherche en biologie végétale, Montréal (Québec), Canada H1X 2B2

Environ 17 espèces du genre *Fusarium* ont été associées à la fusariose des céréales. Leurs impacts sont la réduction du rendement et la contamination des grains par divers types de mycotoxines. Au Québec, le *F. graminearum* [téléomorphe *Gibberella zeae*] qui est le plus dommageable se retrouve toujours parmi les espèces de *Fusarium* isolées des grains de céréales d'un champ. La répartition des espèces peut varier en fonction des années de culture et des régions. La composition du complexe d'espèces pathogènes influence la sévérité des symptômes, le type et la production des mycotoxines. La période critique pour le développement de la maladie débute à l'épiaison. L'identification rapide et hâtive des principales espèces de *Fusarium* est importante pour déterminer la composition du complexe d'espèces pathogènes et pour établir des stratégies efficaces de lutte et de gestion des stocks de grains. La méthode moléculaire développée emploie la technique PCR pour amplifier, avec des amorces d'ADN, une portion spécifique du gène du facteur 1 d'élongation alpha (EF-1 alpha), puis l'électrophorèse en gradient dénaturant est utilisée pour révéler le polymorphisme des séquences des produits amplifiés. Cette méthode PCR-DGGE a permis d'observer cinq profils électrophorétiques parmi les 17 espèces. Notons qu'il n'y avait pas de variabilité intraspécifique du profil électrophorétique des produits amplifiés parmi les cinq plus importantes espèces de *Fusarium* pathogènes. L'application de la méthode PCR-DGGE permet de détecter rapidement les espèces de *Fusarium* pathogènes présentes dans les grains mais ne permet pas, pour l'instant, d'identifier chacune des 17 espèces spécifiquement.

Répression du canola spontané dans une culture d'orge

J. Lajeunesse et D. Pageau. Centre de recherche et de développement sur les sols et les grandes cultures, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Normandin (Québec), Canada G8M 4K3

Le canola (*Brassica napus*) est généralement cultivé en rotation avec une céréale. Lors de la récolte du canola, une certaine quantité de graines peut tomber au sol et des plants spontanés vont s'établir dans les cultures subséquentes. Ces plants de canola seront alors considérés comme des mauvaises herbes. D'ailleurs, le canola spontané est la 5^e mauvaise herbe en importance dans la région du Saguenay-Lac-Saint-Jean. De 2000 à 2003, deux essais ont été menés à la ferme de recherche d'Agriculture et Agroalimentaire Canada à Normandin afin d'évaluer l'efficacité de trois herbicides (2,4 DB, MCPA amine et méthylthiophensulfuron/méthyltribenuron) à contrôler les plants de canola spontané dans une culture d'orge (*Hordeum vulgare*). Ces herbicides étaient appliqués à quatre stades de la culture (3-4 feuilles, tallage, montaison et épiaison) ou étaient appliqués à quatre doses (0, 50, 75 et 100 % de la dose recommandée) au stade 3-4 feuilles de l'orge. Le dispositif expérimental était un plan factoriel en blocs aléatoires complets. Les résultats ont démontré que le 2,4 DB était plus efficace à contrôler le canola que le méthylthiophensulfuron/méthyltribenuron et le MCPA amine. Les herbicides appliqués au stade 3-4 feuilles de l'orge ont aussi permis de réduire significativement la densité de plants de canola spontané comparativement à une application plus tardive des herbicides. L'application, au stade 3-4 feuilles de l'orge, de 50 ou 75 % de la dose recommandée d'herbicide était généralement suffisante pour assurer une répression efficace des plants de canola et éviter ainsi des pertes significatives de rendement en grain d'orge.

L'attraction des zoospores du *Phytophthora nicotianae* par les exsudats racinaires de tomate est diminuée par la colonisation mycorhizienne

L. Lioussanne^{1,2}, M. Jolicoeur² et M. Saint-Arnaud¹. ¹Institut de recherche en biologie végétale, Montréal (Québec), Canada H1X 2B2; ²Unité de recherche Bio-P², École polytechnique de Montréal, Montréal (Québec), Canada H3C 3A7

Une bioprotection conférée par les champignons mycorhiziens à arbuscules (CMA) a été largement décrite chez la tomate (*Lycopersicon esculentum*) infectée par le *Phytophthora nicotianae*. Les mécanismes déterminants cette bioprotection ne sont cependant que partiellement élucidés. Par ailleurs, la modification de l'exsudation racinaire par la colonisation par les CMA a été rapportée. Nous avons testé l'hypothèse que cette modification diminue la capacité des zoospores du *P. nicotianae* à entrer en contact avec les racines hôtes, ce qui contribuerait à diminuer leur niveau d'infection. Afin d'extraire des exsudats racinaires, nous avons cultivé *in vitro* des racines de tomate transformée, en boîtes Magentas bi-compartmentées. La cinétique de croissance des racines et du CMA *Glomus intraradices* a d'abord été caractérisée dans ce système. Puis, par l'intermédiaire

de biotests, nous avons montré que les exsudats extraits de racines non colonisées attirent davantage les zoospores du *P. nicotianae* que les exsudats extraits à partir de racines colonisées par ce CMA, après 24 semaines de culture. Par ailleurs, nous avons mis en évidence, par analyse HPLC, que ces exsudats contiennent davantage de fructose que de glucose, mais qu'ils sont dépourvus de saccharose. Aucune différence significative entre les concentrations de fructose et de glucose n'a été observée entre les exsudats provenant de racines colonisées et non colonisées, ce qui indique que ces composés ne seraient pas impliqués dans les différences de comportement des zoospores du *P. nicotianae* observées. La même comparaison est actuellement effectuée pour les acides organiques et les acides aminés.

Localisation et caractérisation du locus de pathogénicité *Pat1* et analyse 2D-PAGE chez l'agent de la maladie hollandaise de l'orme, *Ophiostoma novo-ulmi*

J.-A. Majeau, G. Racine et L. Bernier. Centre de recherche en biologie forestière, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1K 7P4

Les populations d'*Ophiostoma novo-ulmi* sont génétiquement uniformes et l'on observe peu de variabilité dans leur pathogénicité. Cependant, des croisements entre la souche modérément agressive AST27 et une souche fortement agressive H327 ont révélé que les phénotypes modérément et fortement agressifs affichaient une ségrégation de type 1:1 dans la descendance. Ce résultat indique que la différence de virulence entre les deux parents résulte de deux allèles différents pour un même locus, appelé *Pat1*, près duquel on a en outre identifié 12 marqueurs RAPD. Deux approches sont en cours pour tenter d'isoler *Pat1* en vue de sa caractérisation. La première consiste à faire une marche chromosomique à partir de marqueurs RAPD liés à *Pat1*, en utilisant une banque génomique de la souche H327. L'analyse des clones trouvés jusqu'ici indique la présence de plusieurs gènes entourant le marqueur RAPD OPK3₁₀₅₀, dont certains présentant une forte homologie avec d'autres gènes provenant de champignons phytopathogènes. L'activité de ces gènes et leur rôle dans le développement de la maladie restent toutefois à être démontrés. La deuxième approche tente d'identifier des produits potentiels du locus *Pat1* par l'analyse de gels de protéines en deux dimensions (2D-PAGE). Les patrons des protéines de six souches sont comparés afin de faire ressortir les protéines exprimées de façon différentielle pouvant être liées à l'allèle *Pat1*-h ou *Pat1*-m (agressivité forte ou modérée) et d'autres associées aux phénotypes MAT A et MAT B (locus d'incompatibilité sexuelle). Aucune recherche à ce jour n'a permis d'identifier formellement des gènes de pathogénicité chez *O. novo-ulmi*. Leur découverte pourrait s'avérer une base utile à l'identification de gènes équivalents chez d'autres champignons ophiostomatoïdes.

Ravageurs forestiers exotiques : mise à jour de la situation au Canada

M. Mecteau. Agence canadienne d'inspection des aliments, Ottawa, Ontario, Canada K1A 0Y9

Le Canada réglemente rigoureusement, depuis 1999, l'entrée de matériaux d'emballage en bois provenant de tous les pays du monde afin d'empêcher l'introduction d'organismes nuisibles justiciables de quarantaine. Cependant, l'introduction du longicorne asiatique (*Anoplophora glabripennis*), de l'agrile du frêne (*Agrilus planipennis*), du longicorne brun de l'épinette (*Tetropium fuscum*) et d'autres ravageurs exotiques aujourd'hui établis dans certaines régions de l'Amérique du Nord est imputable à des envois internationaux accompagnés de matériaux d'emballage en bois n'ayant pas été soumis à cette réglementation. Depuis la découverte du longicorne asiatique à Toronto et à Vaughan (Ontario), de l'agrile du frêne aux comtés d'Essex et de Chatham-Kent (Ontario) et du longicorne brun de l'épinette à Halifax (Nouvelle-Écosse), l'Agence canadienne d'inspection des aliments (ACIA) a mené une campagne de lutte et d'éradication qui a conduit à l'enlèvement de plus de 137 000 arbres à ce jour. Comme ces insectes n'ont pas d'ennemis naturels en Amérique du Nord, l'enlèvement et la destruction des arbres, où ils pourraient se loger, constitue la seule façon d'empêcher leur propagation. Les stratégies de lutte de l'ACIA se composent d'une intense surveillance, de l'élimination d'arbres autour des zones infestées, de la restriction du transport des matériaux hôtes à partir de ces zones et de campagnes de sensibilisation du public.

Réduire la fusariose chez l'orge : de la théorie à la pratique

D. Pageau¹, J. Lajeunesse¹, M. Savard² et J. Lafond¹. ¹Centre de recherche et de développement sur les sols et les grandes cultures, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Normandin (Québec), Canada G8M 4K3; ²Centre de recherche de l'Est sur les céréales et oléagineux, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Ottawa, Ontario, Canada K1A 0C6

La fusariose associée à la présence du champignon *Fusarium graminearum* est devenue une préoccupation importante dans la production d'orge au Québec. En 2002 et 2003, respectivement 40 et 67 % des superficies d'orge de la région du Saguenay-Lac-Saint-Jean étaient affectées par la fusariose. Ce champignon produit une toxine (déoxynivalénol) qui réduit l'utilisation des grains dans l'alimentation animale. Le contenu en vomitoxine chez l'orge a été mesuré dans trois expériences réalisées à la Ferme de recherche d'Agriculture et Agroalimentaire Canada à Normandin. Tous ces essais à long terme ont été implantés avant 1999 et visaient à évaluer l'impact de certaines pratiques culturales sur la productivité de l'orge. L'effet de la rotation sur le contenu en toxine était variable selon les essais. Lorsque l'orge était cultivée pendant deux ou trois années consécutives, il n'y avait aucune différence significative dans le contenu en toxine du grain. Cependant, si l'orge était cultivée en rotation avec le pois sec ou le canola, le contenu en toxine était moins élevé qu'en monocul-

ture. Dans un autre essai, comparativement à la monoculture de céréale, le contenu en toxine était plus élevé quand l'orge était ensemencée après une production d'un mélange dactyle-trèfle rouge. L'effet du travail du sol sur le contenu en toxine était semblable dans les trois essais. Ainsi, comparativement au travail réduit du sol, le travail conventionnel (labour) permettait de réduire le contenu en toxine dans le grain. Ces résultats démontrent que la régie de culture peut avoir un impact sur le développement de toxines chez l'orge.

Protéomique, bioinformatique et biologie des systèmes

G.G. Poirier. Unité de santé et environnement, Pavillon CHUL, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1K 7P4

La plateforme du Centre Protéomique de l'Est du Québec comporte trois volets : séparation, digestion et spectrométrie de masse, bioinformatique et biologie des systèmes. Nous décrirons diverses méthodes de séparation offertes : 2D-LC, avec système ProBot, isofocalisation solide et liquide suivie d'électrophorèse SDS. Les échantillons sont ensuite digérés et analysés par spectrométrie de masse MALDI-MS/MS, ou IDLC-MS/MS. Les deux types de spectromètres de masse MS/MS sont les trappes ioniques qui fonctionnent à haut débit et très haute sensibilité. Le MALDI Q-TOF offre plus de précision avec moins de sensibilité. L'évolution de la spectrométrie de masse permet d'augmenter la vitesse d'analyse d'une protéine de 100 fois et la sensibilité de 1000 à 10 000 fois. Finalement, tous les résultats sont analysés en direct et, par bioinformatique, nous pouvons analyser les protéines et suivre leur expression ou leur modification posttraductionnelle (MPT). Le système est géré par un LIMS qui suit l'échantillon protéique tout au long du processus. Nous intégrons présentement toutes ces informations dans une base de données grâce à une approche de biologie des systèmes.

Supporté par Génome Québec/Canada, IRSC, Génome-Prairies et Chaire de recherche du Canada en protéomique.

Valorisation des fumiers et des lisiers : production de biofertilisants à valeur ajoutée

J. Roy, J. Gendron et C. Beaulieu. Département de biologie, Université de Sherbrooke, Sherbrooke (Québec), Canada J1K 2R1

Le développement de l'industrie porcine et l'évolution de la réglementation environnementale au Québec ont entraîné des surplus de fumiers et de lisiers sur certains territoires. Une technologie éprouvée, permettant de transformer ces surplus en biosolides séchés, inodores et dotés de propriétés fertilisantes, est disponible sur le marché. Cependant, la concentration en éléments nutritifs de ces produits organiques est telle que ces derniers peuvent difficilement entrer en compétition avec les engrais de synthèse chimique sur la simple valeur fertilisante. Notre équipe de recherche, en collaboration avec une industrie québécoise (Envirogain inc.), veut donc doter ces biosolides d'une valeur ajoutée. Pour ce, nous tentons de mettre au point une formulation permettant

de doter ces biosolides fertilisants de propriétés antiparasitaires. On a ainsi ajouté des polymères naturels (chitosane ou chitine) aux biosolides dans le but d'activer les mécanismes de défense des plantes et pour développer d'autres propriétés antiparasitaires. D'autres biosolides ont été supplémentés d'une souche d'actinomycète ayant démontré une activité antagoniste contre différents agents phytopathogènes. À l'été 2003, l'efficacité de ces produits a été testée lors d'essais en champs à un site où un inoculum de gale commune est naturellement présent. À la plantation, les tubercules de semence ont été saupoudrés de biosolides amendés ou non amendés en comparaison avec des tubercules témoins. À la récolte, les tubercules ont été visuellement observés pour la présence de lésions de gale commune. Les résultats obtenus ont démontré que l'utilisation des biosolides seuls permettait de diminuer significativement les symptômes de la gale mais que les formulations avec le chitosane ainsi que celles avec l'agent de lutte permettaient de diminuer davantage les symptômes. D'autres essais sont en cours pour améliorer l'efficacité de ces nouveaux produits de lutte biologique.

Rôles des gènes homologues à *terD* de *Streptomyces coelicolor* dans la réponse aux stress physiologiques

É. Sanssouci et C. Beaulieu. Centre d'étude et de valorisation de la diversité microbienne, Département de biologie, Université de Sherbrooke, Sherbrooke (Québec), Canada J1K 2R1

Le *Streptomyces coelicolor* est un actinomycète non pathogène qui a été utilisé, en combinaison avec *Lemna minor*, comme modèle d'étude de la modulation de l'expression des gènes bactériens lors de l'interaction plante-streptomycète. Le *S. coelicolor* a été ensemencé en milieu minimal avec ou sans l'ajout de frondes de *Lemna minor*. Le protéome bactérien a été analysé par gel d'électrophorèse à deux dimensions et la comparaison des deux milieux de culture a permis l'identification de 31 protéines induites ou réprimées par la présence de plantes. Certaines protéines induites pourraient être impliquées dans la résistance au tellurite puisque des homologues de *terD* de *Serratia marcescens* ont été identifiés. Afin de démontrer que les gènes de *Streptomyces coelicolor* homologues à *terD*, sont exprimés en conditions de stress, quatre promoteurs de gènes homologues à *terD* chez le *S. coelicolor* (SCO 0641, SCO 4277, SCO 2367 et SCO 2368) ont été amplifiés par PCR et clonés en amont d'un gène rapporteur dans le vecteur navette pFD666 permettant une répllication à la fois dans le *E. coli* et dans les streptomycètes. Pour vérifier l'activité des différents promoteurs, les constructions ont été transformées dans le *Streptomyces coelicolor*. Il semble que ces quatre gènes ne soient pas exprimés au même stade de croissance. L'effet de différents stress et de la présence de composés végétaux sur l'expression génique sera maintenant étudié.

Biodiversité des champignons endophytes foliaires de l'épinette blanche (*Picea glauca*) du Sud du Québec

F.O.P. Stefani et J.A. Bérubé. Service canadien des forêts, Centre de foresterie des Laurentides, Sainte-Foy (Québec), Canada G1V 4C7

Les champignons endophytes sont des organismes asymptomatiques vivant à l'intérieur des tissus foliaires de leur hôte. Ils présentent un fort potentiel dans le cadre du biocontrôle des maladies phytopathologiques. Cette étude identifie pour la première fois les champignons endophytes foliaires de l'épinette blanche, à partir de peuplements naturels et de plantations des régions sud du Québec. Douze sites ont été échantillonnés durant le mois de juillet 2001, répartis entre le lac Saint-Jean et la frontière du Maine. Mille huit cent soixante douze aiguilles furent mises en culture, à partir desquelles 348 souches furent isolées. La région ITS de l'ADN nucléaire ribosomal a été analysée par PCR-RFLP. Des isolats des 12 groupes de restriction obtenus ont été séquencés. Leurs séquences ITS ont été comparées avec les données de la *GenBank* présentant la plus grande homologie. Les séquences des isolats et de leurs homologues de la *Genbank* ont été assemblées dans quatre sous-matrices (*contig*), sur lesquelles une double analyse phylogénétique (maximum de parcimonie et inférence bayésienne) a été conduite. Les analyses moléculaires et phylogénétiques répartissent 74,51 % de nos souches parmi six clades majeurs (fréquence supérieure ou égale à 5 %) et 25,49 % des souches dans des clades dont la fréquence est inférieure à 5 %. Le groupe de souches le plus commun est proche des Sarcosomataceae. Ce groupe domine avec une fréquence de 34,31 %. Il est suivi par cinq autres espèces : *Hypoxylon fuscum* (9,80 %), *Hormonema dematoides* (9,80 %), *Lophodermium piceae* (8,82 %), *Mycosphaerella* sp. (6,86 %) et *Phaeocryptopus gauemanii* (4,9 %). Plusieurs de ces champignons (*Lophodermium*, *Hormonema*) ont déjà été identifiés comme endophytes foliaires chez d'autres espèces hôtes. Également, certaines souches sont des pathogènes reconnus (*Hypoxylon*) ou bien appartiennent à des genres comprenant des espèces pathogènes (*Mycosphaerella*).

Évaluation de différents biofongicides contre le chancre de la tige causé par *Botrytis cinerea* dans la tomate de serre

J. Venne¹, J. Caron², L. Laverdière² et R.R. Bélanger¹. ¹Centre de recherche en horticulture, Université Laval, Québec (Québec), Canada G1K 7P4; ²Horti-Protection, Sainte-Hélène de Breakeville (Québec), Canada G0S 1E1

Le chancre de la tige causé par *Botrytis cinerea* demeure une maladie largement répandue dans la tomate de serre. À des fins de lutte, les fongicides sont utilisés en prévention à l'effeuillage ou en badigeonnage lors du retrait d'un chancre. Cependant, *B. cinerea* a su développer une résistance à certaines matières actives. La lutte biologique peut alors devenir une alternative ou un complément à la lutte chimique. Plusieurs produits à base de *Trichoderma* ou de *Gliocladium* tels que RootShield® et Prestop®

sont déjà commercialisés dans certains pays. Toutefois, aucun produit n'est disponible contre le chancre de la tige au Québec. De plus, un biofongicide à base d'une souche indigène de *T. harzianum* (MAUL-20) présente un bon potentiel contre cette maladie puisqu'il est adapté au climat sericole et qu'il est développé spécifiquement pour son activité antagoniste contre *B. cinerea*. À partir de ces faits, notre projet de recherche vise à évaluer l'efficacité de ces trois biofongicides contre le chancre de la tige dans la tomate de serre afin d'obtenir une homologation pour les produits les plus prometteurs. La compatibilité du biofongicide MAUL-20 avec les différents pesticides homologués en serre a été établie et celle avec les insectes bénéfiques sera déterminée au cours de l'été 2004. Des essais en serre expérimentale sont en cours afin de comparer l'efficacité des biofongicides et des fongicides à réprimer le chancre de la tige sous conditions contrôlées. Des résultats préliminaires indiquent que certains biofongicides seraient aussi efficaces que les fongicides dans la lutte contre *B. cinerea*.