



Ilga Porth
Professeure agrégée
Faculté de foresterie, de géographie et de géomatique
Université Laval, Québec.

Applications de la génomique dans les interactions hôte-herbivore/pathogène : des cibles d'amélioration des arbres aux outils de biosurveillance et au développement de biopesticides

Jeudi 18 avril 2024 à 12 h 30

Pavillon Charles-Eugène Marchand, salle Hydro-Québec (1210)

Vous pouvez maintenant assister à la conférence via Zoom en cliquant sur ce lien :

[Accéder à la vidéoconférence](#) (pour une expérience plus agréable, préférez l'installation de l'application Zoom à l'utilisation du navigateur). >> [Instructions pour la configuration de l'audio](#) <<

Résumé:

Les arbres sains peuvent jouer un rôle de tampon climatique local, réduisant ainsi les coûts en énergie. En revanche, les arbres soumis à un stress physiologique ont une capacité de stockage du carbone réduite, voire deviennent des émetteurs nets de carbone en raison des limitations biochimiques de l'absorption du carbone. Il est donc essentiel de s'attaquer à plusieurs niveaux aux menaces qui pèsent actuellement sur les forêts naturelles et plantées et qui sont causées par des agents biotiques.

Différentes mesures doivent être prises en fonction du type de menace biotique (locale, en expansion, envahissante) et de l'objectif de sa gestion. Les flux de gènes assistés et la sélection ciblée d'arbres hôtes pour les allèles de résistance sont possibles si l'objectif de la sélection est déjà connu (par exemple, augmenter la production de certains composés chimiques de résistance).

Cependant, la connaissance de la biologie du ravageur/pathogène lui-même peut se traduire par un confinement réussi en développant un biopesticide ou un outil permettant une surveillance biologique. Pour les espèces indigènes, le travail préliminaire est certainement plus facile, car dans de nombreux cas, des connaissances préalables sont déjà disponibles.

Cependant, pour les espèces exotiques envahissantes, en particulier celles qui sont les plus prioritaires en raison de leur agressivité, des groupes de travail sont tout d'abord nécessaires pour mener des enquêtes rapides et approfondies sur les espèces dans l'ensemble de leur aire de répartition géographique, dans un cadre empirique appliqué (science collaborative).

Dans mon exposé, je présenterai trois exemples de mes dernières recherches qui utilisent toutes la puissance de la génomique et de la biologie moléculaire pour :

- a) Identifier les hôtes les plus sensibles parmi les 10 espèces de conifères canadiens ayant la plus grande valeur commerciale contre un herbivore polyphage envahissant (*Lymantria dispar* spp.), découvrir les fondements transcriptomiques du potentiel élevé de détoxification du ravageur, et déduire les composés de défense chimique les plus prometteurs (parmi les terpénoïdes foliaires, les composés phénoliques) à partir d'expériences approfondies d'utilisation de l'hôte. Les résultats sont complétés par des estimations de paramètres génétiques pour les composés de défense de l'hôte que nous avons trouvés améliorables par sélection phénotypique ou génomique;
- b) Aborder l'identification des espèces (taxon), la source, la voie d'invasion, l'histoire de l'invasion et les traits d'invasivité (adaptation au froid, déplacement de l'hôte) pour le longicorne asiatique dans le cadre de biosurveillance;
- c) Développer un agent phytoprotecteur contre la tordeuse des bourgeons de l'épinette (TBE) indigène basé sur la production à grande échelle d'ADN recombiné de la tordeuse et sur le développement d'une méthodologie d'encapsulation de ces fragments d'ADN.