



Journée Étudiante de l'IBIS

10^e édition

27 août 2020



UNIVERSITÉ
LAVAL

ThermoFisher
SCIENTIFIC

Bienvenue à la 10^e édition de la Journée étudiante de l'IBIS

La biologie intégrative à l'honneur

Les étudiants et stagiaires de l'IBIS se sont donné comme défi d'organiser à chaque année une journée de rencontre permettant aux scientifiques issus de domaines variés, qui touchent tous les niveaux d'organisation du vivant, de partager leurs découvertes et de tisser des liens afin de favoriser la transdisciplinarité. L'objectif est de comprendre comment s'intègrent ces niveaux d'organisation (gène, génome, cellule, organisme, environnement) et comment ils évoluent. Étant donné la diversité des thèmes de recherche en sciences de la vie à l'Université Laval, la Journée étudiante de l'IBIS représente une occasion exceptionnelle pour les étudiants de présenter leurs travaux dans un contexte intégrateur, afin de bâtir collectivement un savoir scientifique novateur de haute qualité.



<http://www.ibis.ulaval.ca/>

Horaire de la journée

Pour joindre les activités de la Journée étudiante sur Zoom (présentations orale, présentation du commanditaire, présentation de la conférencière invitée, session Questions & réponses des affiches), utilisez le lien reçu par courriel.

- 9 h à 11 h 15** **Présentations orales**
9h-9h20: Claire Mérot
9h20-9h40: Samuel Plante
9h40-10h: Xiaojun Zhu
10h-10h20: Myriam Labbé
10h20-10h40: Simon Aubé
10h40-11h: Claire Depardieu
- 11 h 30 à 12 h** **Présentation du commanditaire : Pierre Chagnon, spécialiste technique des ventes NGS (Ion Torrent), Thermo Fisher Scientific**
Séquençage du génome viral SARS-CoV2 par AmpliSeq - Ion Torrent
- 13 h à 14 h 15** **Présentation de la conférencière invitée : Dre Judith Mank**
Male ornamentation and the evolution of the guppy sex chromosomes: Birth (and death and rebirth?) of a classic system
- 14 h 30 à 16 h 15** **Sessions Questions & Réponses des affiches**
14 h 30-15 h Sous-session A : Affiches 1-8
15 h-15 h 30 Sous-session B : Affiches 9-16
15 h 30-16 h Sous-session C : Affiches 17-25
- 16 h 30** **Session de discussion : Études graduées et cheminement professionnel**

Conférencière invitée

Dre Judith Mank

Professor and Canada 150 Research Chair in Evolutionary Genomics
Department of Zoology, University of British Columbia

Male ornamentation and the evolution of the guppy sex chromosomes: Birth (and death and rebirth?) of a classic system

The theory of sex chromosome evolution was inspired in part by early observations that many male colour patterns in guppies (*Poecilia reticulata*) appear to be Y-linked, and that the degree of Y-linkage varies across populations. We combined genomic approaches with high-resolution phenotyping pipelines to characterize the Y chromosome content in natural populations (I), determine the degree of Y-linkage for individual male ornaments (II), and to date the origin of the guppy sex chromosomes (III).



I. We used linked-read sequencing to characterize the content of the guppy Y chromosome across multiple wild populations. We observed a remarkable diversity in Y chromosome haplotypes within each population, even in the oldest region. This diversity is likely due to gradual mechanisms of recombination suppression, which, unlike an inversion, allow for the maintenance of multiple haplotypes. In addition, we show that this Y diversity is dominated by low-frequency haplotypes segregating in the population, suggesting a link between haplotype diversity and female-preference for rare Y-linked colour variation.

II. We coupled automated ornament identification and high-resolution image analysis of male guppy colour patterns with a three-generation pedigree to assess the degree of Y-linkage. Our results show that loci controlling the presence or absence of individual male ornaments in our population are not Y-linked. However, ornaments of similar colour are not independent of each other, and modifier loci that affect whole animal colouration are partially Y-linked.

III. We used whole-genome and transcriptome sequencing data to characterize the guppy sex chromosome systems across the broader *Poeciliidae* clade. The guppy XY system is much older than previously thought, and is shared not only with its sister species, *Poecilia wingei*, but also with *Poecilia picta*, which diverged roughly 20 million years ago. Moreover, these species exhibit extreme heterogeneity in the degree of Y chromosome decay. The sex chromosomes in *P. reticulata* and *P. wingei* are largely homomorphic, with very little decay of Y chromosome gene content. However, the sex chromosomes in *P. picta* are completely nonrecombining and strikingly heteromorphic. Remarkably, the profound degradation of the Y chromosome in *P. picta* is counterbalanced by the evolution of functional chromosome-wide dosage compensation in this species, the first such observation in a fish.

Together these results provide new insight into the causes and patterns of the earliest stages of sex chromosome evolution in a classic system.

Liste des conférences

1. Claire Mérot (Postdoctorat) Laboratoire Bernatchez, Biologie

The evolutionary significance of genomic structural variants: general framework and case study of a seaweed fly

Mérot C*, Babin C, Berdan E, Djambazian H, Llaurens V, Normandeau E, Oomen R, Ragoussis I, Tigano A, Wellenreuther M, Bernatchez L

A significant fraction of genetic diversity is structural genomic variation (SV), e.g. chromosomal rearrangements or copy-number variants. SVs can have large effects on phenotypes and recombination and can thus be primary building blocks of adaptation or diversification. Here, we reflect on the role of SVs in evolution with examples from the literature and suggest a roadmap to better embed SV in evolutionary frameworks. A holistic understanding of the molecular basis of adaptation or diversification requires that we consider more systematically the role and function of SVs alongside SNPs, in particular in population genomics and ecological genomics studies. We support these ideas by studying the genomic architecture of adaptation to heterogeneous environments in the seaweed fly *Coelopa frigida*. We sequenced at shallow coverage ~ 1,500 flies in 16 natural populations spread along a 1,000 km latitudinal gradient in North America. We identified and characterized 4 large polymorphic chromosomal inversions. Those inversions strongly structure intra-specific diversity, the biggest one determining different co-existing and sex-specific life-history strategies. Some inversions are disproportionately involved in environmental associations in comparison to the rest of the genome. The combined evidence presented in this talk underscores that a broadening of our views is needed to better integrate genetic variation beyond SNPs into our studies, to open the way for a more systematic exploration of the genomic structural variation that is causal in evolutionary diversification and adaptation.

2. Samuel Plante (Postdoctorat) Laboratoire Landry, Biologie

Les spores de levures à bourgeon sauvages s'activent en réponse à différents signaux environnementaux

Samuel Plante* & Christian Landry

L'activation des spores est un processus critique dans la vie des organismes fongiques alors que s'initie la germination durant laquelle les spores perdent leur état de dormance et leurs caractéristiques protectrices pour retrouver un état de cellule végétative. Nos connaissances concernant les signaux qui induisent l'activation des spores sont cependant limitées. Nous avons étudié la nature biochimique des signaux d'activation des spores de souches sauvages de la levure *Saccharomyces paradoxus* issues de quatre lignées (SpA, SpB, SpC et SpC*). Nous avons disséqué le milieu de culture et, par des mesures spécifiques de l'activation des spores, avons pu identifier les composés nécessaires et suffisants à l'initiation de la germination. Contrairement aux attentes, le glucose est nécessaire, mais n'est pas suffisant pour l'activation des spores. Nous montrons que deux lignées d'Amérique du Nord (SpC et SpC*) se

distinguent des autres relativement aux signaux d'activation puisque leurs spores requièrent du phosphate inorganique pour s'activer. Nos résultats montrent que l'interprétation des conditions environnementales pour l'activation des spores varie entre des lignées d'une même espèce de levure, suggérant que cela peut jouer un rôle dans la différenciation écologique et l'isolation reproductif.

3. **Xiaojun Zhu** (Doctorat) Laboratoire Shi, Biochimie, microbiologie et bio-informatique

Structural aspect of bacterial abortive infection system AbiV and its antiviral mechanism

Xiaojun Zhu*, Sylvain Moineau, Rong Shi

4. **Myriam Labbé** (Doctorat) Laboratoire Culley, Biochimie, microbiologie et bio-informatique

Le trésor perdu du Fjord de Milne

Myriam Labbé*, Warwick F. Vincent, Alexander I. Culley

30 juillet 2020. Le monde entier semble cloué en place par la COVID19. Les limitations sociales pèsent sur le moral des citoyens; les grands événements sont annulés, le système scolaire et professionnel est bouleversé, les déplacements sont restreints. Cette année, la majorité des chercheurs polaires n'ont pas accès à leurs sites d'études, responsabilité sociale oblige. En ce jour, la plateforme glacière de Milne, la deuxième plus grande de l'hémisphère nord, s'est fracturée. Sous le regard impuissant des chercheurs, une île de glace faisant plus de 10 fois la taille de l'Université Laval dérive dans l'Océan Arctique. C'est tout un écosystème qui navigue vers sa dissolution; des milliards d'organismes, des milliers d'années d'information paléoglaciale. Un pan de l'histoire de la Terre s'en va. Mais le Fjord cache-t-il toujours l'un de ses plus beaux secrets? Qu'en est-il du lac épipleforme de Milne, le dernier de ces lacs étranges en Arctique?

5. **Simon Aubé** (Maîtrise) Laboratoire Landry, Biochimie, microbiologie et bio-informatique

Élucider les déterminants de la divergence transcriptionnelle et traductionnelle des gènes dupliqués

Simon Aubé* et Christian R Landry

Une abondance protéique donnée peut être obtenue au moyen d'une infinité de combinaisons de taux de transcription, de traduction et de dégradation. Des travaux récents ont cependant montré que seule une fraction de ces combinaisons existe réellement, puisque les gènes qui sont transcrits et traduits à des taux élevés sont très rares. Le compromis entre l'optimisation

du coût et de la précision de l'expression a été proposé afin d'expliquer cette observation. Si ce modèle prédit avec justesse les combinaisons de taux qui ne sont pas permises, il n'élucide toutefois pas complètement la dynamique de l'évolution des taux de transcription et de traduction. Afin de mieux comprendre ce phénomène, nous avons donc commencé à nous intéresser à la divergence des gènes dupliqués de la levure dans l'espace bidimensionnel défini par ces deux taux. Il en ressort que la magnitude de cette divergence est nettement plus grande en transcription qu'en traduction. Les causes de ce biais ne sont pas claires, mais il semble qu'une différence de taille de cible mutationnelle pourrait y contribuer. Nous avons exploré cette possibilité en corrélant différentes propriétés des couples de gènes au ratio de leur divergence transcriptionnelle et traductionnelle.

6. Claire Depardieu (Professionnelle de recherche) Laboratoire Bousquet, Foresterie

Combiner la cartographie de QTLs et une analyse transcriptomique pour identifier les gènes impliqués dans la synthèse des composés phénoliques chez l'épinette blanche

Claire Depardieu*, Justine Laoué, Sébastien Gérardi, Claude Bomal, Manuel Lamothe, Aida Azaiez, Marie-Claude Gros-Louis, Brian Boyle, Almuth Hammerbacher, Nathalie Isabel, Jean Bousquet

En raison du changement climatique, les forêts de conifères sont de plus en plus vulnérables aux sécheresses et aux attaques de pathogènes. Au cours de leur évolution, les arbres ont développé divers moyens de défense; parmi eux, les composés phénoliques (PC) jouent un rôle prépondérant dans les interactions des arbres avec leur environnement. Cependant, à ce jour les bases génomiques de la production des PCs restent encore mal connues chez les conifères. Dans cette étude, nous avons combiné des analyses QTL et transcriptomique afin d'identifier les gènes contrôlant la production de neuf PCs dans une descendance biparentale d'épinette blanche (*Picea glauca* [Moench] Voss). L'analyse de liaison génétique a mis en évidence 17 QTLs (Quantitative Trait Locus) significatifs, dont un QTL à effet majeur chez les néolignanes expliquant 82,4-91,3 % de la variance phénotypique. L'approche RNA-seq a permis d'identifier 603 gènes différentiellement exprimés entre des individus présentant des phénotypes contrastés (concentrations élevées ou basses en composés phénoliques). Parmi eux, 50 gènes directement associés à la voie de biosynthèse des PCs, ainsi que plusieurs facteurs de transcription de type MYB, bHLH et WD40 ont été mis en évidence. Nos résultats représentent une étape prometteuse vers la compréhension des mécanismes génétiques sous-jacents à la production constitutive des PCs chez l'épinette blanche. A plus long terme, ces nouvelles connaissances pourront être utilisées afin de sélectionner des arbres présentant une résilience accrue aux stress environnementaux dans le cadre de programmes d'amélioration génétique des conifères.

Session de discussion

Études graduées et cheminement professionnel

L'objectif de cette séance de discussion est de créer une opportunité d'échanges entre les anciens membres et les membres actuels de l'IBIS. La thématique de celle-ci est : **Études graduées et cheminement professionnel**. Pour plusieurs étudiants et chercheurs, la situation particulière des derniers mois liée à la pandémie de la COVID-19 a provoqué une occasion de faire le point et de se remettre en question. Au cours de cette session de discussion, les participants auront l'occasion d'échanger à propos de leurs objectifs professionnels, leur parcours ainsi que leur vision de la recherche scientifique d'un point de vue global. Pour souligner cette 10^e édition de la journée étudiante, nous désirons aussi inviter d'anciens étudiants de l'IBIS à partager leur expérience et à discuter des moments marquants de leur passage à l'Institut.

Le format de l'activité ressemblera à celui d'une table ronde. Chaque participant pourra prendre parole afin de livrer son témoignage et/ou nous exposer son opinion à propos des questions suivantes (celles de son choix):

1. Parcours professionnel : Quels ont été les points tournants? / Quels sont vos objectifs professionnels?
2. Quelle est notre vision de la recherche scientifique d'un point de vue global? A-t-elle changé avec la pandémie mondiale?
3. Quel impact la crise de la COVID-19 a-t-elle eu sur vos projets de recherche? Est-ce que cela vous a fait remettre en question vos objectifs professionnels ou votre choix de carrière?
4. Quels ont été vos moments marquants à l'IBIS? Auriez-vous des conseils à donner aux étudiants actuels pour leur future carrière?

Pour les 4 parties de la session, les anciens étudiants de l'IBIS seront invités à débiter la discussion. Le droit de parole sera ensuite ouvert à tous.

Vous êtes tous invités à participer à cette session de discussion. Les anciens membres de l'IBIS de tous les laboratoires sont également les bienvenus. Merci de leur transmettre cette invitation.

Liste des affiches

Sous-session A

1. Gabriela Ulmo Díaz*, Kyle Wellband, Erik Normandeau, Louis Bernatchez, **Epigenetic patterns of environmental adaptation in the American Eel**, Laboratoire Bernatchez. (Twitter @bluealiencattle)
2. Isabeau Caza-Allard*, Martin Laporte, Guillaume Côté, Julien April et Louis Bernatchez, **Effect of Biotic and Abiotic Parameters on the Production and Degradation of Environmental DNA**, Laboratoire Bernatchez. (Twitter @Isabeau_CA)
3. Marie-Stéphanie Fradette* et Steve Charette, **Development of a LAMP-based method for the detection of Cryptosporidium and Giardia from water samples**, Laboratoire Charette. (Twitter @EtudiantIBIS)
4. Camille Bédard*, **Résistance aux antifongiques : une approche bioinformatique**, Laboratoire Landry. (Dropbox)
5. Nastasia Freyria*, **Comparative Metagenomics of Arctic Microbial Eukaryotic Communities in the North Water**, Laboratoire Lovejoy. (Twitter @FreyriaNastasia)
6. Myriam Labbé*, **The (potentially) lost treasure of Milne Iceshelf**, Laboratoire Culley. (Twitter @MyLabbe)
7. Vincent Boulanger*, Stéphane M. Gagné, **Skunavirus: Protein characterization to understand their functioning**, Laboratoire Gagné. (Dropbox)
8. Emilie Alexander*, Philippe Despres, Christian Landry, Damien Biot-Pelletier, Mathier Henault, **A tool to help find gRNAs for base editing that are compatible in multiple genomes**, Laboratoire Landry. (Dropbox)

Sous-session B

9. Sara Bolduc*, Jean-Sébastien Moore, Mélanie Lemire, Jean-Éric Tremblay, **Contribution de la diète de l'omble chevalier anadrome à la qualité de sa chair**, Laboratoire Moore. (Twitter @EtudiantIBIS)
10. Yann Dorant*, Hugo Cayuela, Kyle Wellband, Martin Laporte, Quentin Rougemont, Claire Mérot, Eric Normandeau, Rémy Rochette and Louis Bernatchez, **Copy number variants outperform SNPs to reveal genotype-temperature association in a marine species**, Laboratoire Bernatchez. (Twitter @YannDorant)

11. Marie-Ève Picard*, Michel Cusson, Rong Shi, **Caractérisation structurale d'une méthyltransférase impliquée dans la biosynthèse de l'hormone juvénile chez les Lépidoptères**, Laboratoire Shi. (Dropbox)
12. Sarah Girard*, Valérie E. Paquet et Steve J. Charette, Laboratoire Charette. (Dropbox)
13. Charlotte Cloutier*, Mathieu Hénault, Christian R. Landry, **Simulating a fluctuation assay to assess the impact of population and mutation parameters on transposition rate estimates**, Laboratoire Landry. (Twitter @CharlotteClout9)
14. Amanda Xuereb*, Martin Laporte, Éric Normandeau, Bérénice Bougas, José Yañez, André Mallet, Martin Mallet, Louis Bernatchez, Laboratoire Bernatchez. (Twitter @AmandaXuereb23)
15. Meryam Magri*, **Identification of novel rhamnolipid-producing strains using genome mining**, Laboratoire Abdel-Mawgoud Saleh. (Dropbox)
16. Alicia Pageau*, Anna Fijarczyk, Helene Martin, François-Olivier Hébert, Christian Landry et Nadia Aubin-Horth, **Évolution de gènes spécifiques à un vers parasite manipulateur**, Laboratoire Aubin-Horth. (Twitter @EtudiantIBIS)

Sous-session C

17. Carla Bautista*, Souhir Marsit, Christian R Landry, **Interspecific Hybrids Show a Reduced Adaptive Potential Under DNA Damaging Conditions**, Laboratoire Landry. (Twitter @carlabautistaro)
18. Pham Van Dzung*, Laboratoire Shi. (Twitter @EtudiantIBIS)
19. Marika Drouin*, Mathieu Hénault et Christian R Landry, **Optimisation d'une approche expérimentale pour étudier l'effet des interactions génétiques hôte-éléments transposables (TEs) sur la régulation des TEs**, Laboratoire Landry. (Dropbox)
20. Catherine Tardif*, Valérie E. Paquet et Steve J. Charette, **Adaptation de la température de croissance d'*Aeromonas salmonicida subsp. salmonicida***, Laboratoire Charette. (Dropbox)
21. Xavier Dallaire*, **Identification de variants structuraux chez l'omble chevalier (*Salvelinus alpinus*)**, Laboratoire Moore. (Twitter @x_dallaire)
22. Mariame G. Coulibaly*, Vincent Boulanger and Stéphane M. Gagné, **Bioinformatic studies for the structural modeling of all proteins from two systems : SARS-CoV-2 virus and *Lactococcus lactis* Ceduvirus phages**, Laboratoire Gagne. (Dropbox)
23. Louis-Jacques Ruel*, Élodie Boisselier, Charles Calmettes, Patrick Lagüe, **Investigation of TamA Membrane Interactions, a Gram-negative Membrane Protein**, Laboratoire Lagüe. (Twitter @EtudiantIBIS)

24. Maeva Leitwein*, Martin Laporte, Jeremy Le Luyer, Kayla Mohns, Eric Normandeau, Ruth Withler and Louis Bernatchez, **Epigenomic modifications induced by hatchery rearing persist in germ line cells of adult salmon after their oceanic migration**, Laboratoire Bernatchez. (Twitter @Maeva_Leitwein)
25. Mathieu Hénault*, Souhir Marsit, Guillaume Charron et Christian Landry, **The effect of hybridization on transposable element accumulation in an undomesticated fungal species**, Laboratoire Landry. (Twitter @mathieu_henault)