



# Journée Étudiante de l'IBIS

---

9<sup>e</sup> édition

**29 Août 2019**

Pavillon  
Charles-Eugène-Marchand



## Merci à nos commanditaires :



UNIVERSITÉ  
LAVAL

Département des sciences  
du bois et de la forêt



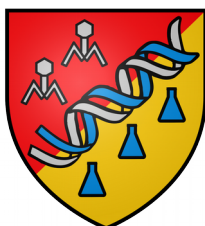
UNIVERSITÉ  
LAVAL

Département de biologie



UNIVERSITÉ  
LAVAL

Faculté des sciences de l'agriculture  
et de l'alimentation  
Département de phytologie



ACEBMUL



# Bienvenue à la 9<sup>e</sup> 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

- 8 h 30 à 8 h 50**      **Inscription**  
Hall d'entrée du pavillon Marchand
- 8 h 50 à 9 h**      **Mot de bienvenue**  
Salle Hydro-Québec, 1210 du pavillon Marchand
- 9 h à 10 h**      **Conférences des post-docs (30 minutes chacune)**  
Salle Hydro-Québec, 1210 du pavillon Marchand
- 10 h à 12 h**      **Première session d'affiches**  
Cafétéria du pavillon Marchand
- 12 h à 12 h 45**      **Dîner conférence (repas inclus) :**  
Illumina ® et Tecan/VWR  
Salle Hydro-Québec, 1210 du pavillon Marchand
- 12 h 50 à 13 h 20**      **Conférences express (5 minutes chacune)**  
Salle Hydro-Québec, 1210 du pavillon Marchand
- 13 h 30 à 15 h 30**      **Deuxième session d'affiches**  
Cafétéria du pavillon Marchand
- 15 h 30 à 16 h**      **Pause-café & exposition des commanditaires**  
Hall d'entrée du pavillon Marchand
- 16 h à 17 h**      **Conférencier invité : Dr Loren H. Rieseberg**  
Salle Hydro-Québec, 1210 du pavillon Marchand
- 17 h à 19 h**      **5 à 7 (cocktail dînatoire) et remise des prix**  
À l'arrière du Pavillon Marchand si beau temps,  
Salle Hydro-Québec si mauvais temps

# Conférencier Invité

## Dr Loren H. Rieseberg

Director, Biodiversity Research Centre and Killam University Professor

Department of Botany  
University of British Columbia

### Revisiting the role of structural variants in adaptation, speciation and improvement

In large genomes, structural variants affect more base pairs than do single nucleotide polymorphisms and typically have outsized effects when included in GWAS analyses. However, only recently have we had the genomic tools needed to fully explore the impact of structural changes in wild and domesticated species. Here I will first discuss the role of large structural variants (e.g., chromosomal inversions) as recombination modifiers. By suppressing recombination between genes underlying local adaptation and reproductive isolation, such structural changes resolve the antagonism between natural selection and recombination, thereby permitting speciation with gene flow. As an example, we recently discovered 34 large segregating inversions in hybridizing sunflowers that co-vary with distinctive ecotypes and are associated with ecologically relevant developmental, physiological, and climate variation. This proliferation of inversions solves a longstanding mystery of how sunflowers diversified in the face of rampant gene exchange. Following my discussion of the role of inversions in the diversification of natural populations, I will shift my focus to the origin and impacts of structural variants during crop improvement. Structural variants hamper plant and animal breeding because they impede recombination and introgression and can be the cause of hybrid inviability or sterility. Focusing on the cultivated sunflower gene pool, I will show that structural variants are over-represented in introgressions from wild species that were introduced by breeding programs. In many cases, genes are missing in the introgressions, which I suspect may be a frequent cause of linkage drag. Such missing genes and other structural variants can be complemented in hybrid crops, which offers a potential means for exploiting wild relative alleles for improvement without sacrificing productivity.



# Liste des conférences (Salle Hydro-Québec)

## Conférences des postdocs (9 h à 10 h)

1. **Rose Afzali** (Postdoc) Laboratoire Bernatchez, Biologie

### **A Comparison of Environmental Metabarcoding Efficiency and Trawling Survey to Monitor Fish Communities in Marine Ecosystem**

**Rose Afzali**, Hugo Bourdages, Martin Laporte, Claire Mérot, Céline Audet, Louis Bernatchez

Environmental DNA (eDNA) metabarcoding is a promising molecular tool that allows for non-invasive, comprehensive and cost-effective screening of the entire ecosystem. We compared eDNA metabarcoding and trawl catch data to evaluate their efficiency (i.e. presence) to characterize demersal fish communities in the Estuary and Gulf of Saint-Lawrence Canada (EGSL). DNA samples were collected in seawater at bottom depth at 84 stations in the EGSL. eDNA was extracted, the mitochondrial DNA 12S gene was amplified using indexed universal primers (MiFish-U) and sequenced with using Illumina Mi-Seq sequencer. The findings demonstrated that eDNA is more efficient to assess species richness compared to trawl survey. Out of 87 species that were detected in our study, 71 species were detected by eDNA and 63 species by trawling. Twenty-five families were found with both trawling and eDNA, while 4 families were found only with eDNA and 10 families were found only with trawling. Three key commercial fish species for EGSL were the most abundant species in both eDNA reads and trawl catch but in different portions. A redundancy analysis (RDA) revealed that the shared species relative abundance significantly correlated when estimated by eDNA and trawl. Also, eDNA could detect species known to be less vulnerable to fishing gear, and can help characterizing fish communities in non trawl-able areas. Our findings therefore suggest that eDNA metabarcoding should be useful as a complementary approach to traditional capture surveys to document demersal fish biodiversity in the marine environment.

**2. Claire Depardieu** (Postdoc). Laboratoire Bousquet, Biologie

### **Integrating association genomics and transcriptomics to identify genes underlying local adaptation to drought in a widespread conifer**

**Claire Depardieu**, Sébastien Gérardi, Simon Nadeau, Patrick Lenz, Manuel Lamothe, John Mackay, Geneviève Parent, Jean Bousquet, Nathalie Isabel

A rapidly warming climate may affect water availability for boreal conifer species. There is therefore an urgent need for assessing their adaptive capacity to better predict forest vulnerability and resilience under drier climates. In this study, we used a dendro-ecological approach in combination with a provenance-family common garden to determine the level of climate sensitivity in white spruce (*Picea glauca* [Moench] Voss). We detected a clear signal of local genetic adaptation to drought, with provenances originating from drier locations showing a higher resilience than those from wetter locations. Based on those results, we further dissected the genetic features underlying white spruce local adaptation to drought, by combining gene-environment associations (GEA), genotype-phenotype associations (GPA) and transcriptomics. We discovered a set of 265 genes significantly associated with a climatic factor or a phenotypic trait, among which 123 genes were regulated in response to drought. The overlap between association approaches revealed 9 high-confident genes of highest relevance for local adaptation in white spruce. Our findings represent a significant step forward in the characterization of the genomic basis of drought resilience in conifers and provide a valuable resource for breeders to establish resilient boreal forests able to face new climate scenarios.

## Conférences express (12 h 50 à 13 h 20)

1. **Xavier Dallaire** (Étudiant à la maîtrise). Outils génomiques pour documenter la structure génétique de population et comprendre l'adaptation locale chez l'omble chevalier (*Salvelinus alpinus*) au Nunavik (Québec). Laboratoire Moore, Biologie.
2. **Seck Waldiodio** (Étudiant à la maîtrise). Genome-wide association analysis reveals the genetic basis of root system architecture in soybean. Laboratoire Belzile, Génomique-bioinformatique.
3. **Ugo Dionne** (Étudiant au doctorat). CRISPR-PCA screens highlight the contribution of protein context to the regulation of SRC Homology 3 (SH3) domains protein-protein interactions. Laboratoire Landry, Médecine.
4. **Jeff Gauthier** (Étudiant au doctorat). Le transcriptome hôte-microbiote de l'Omble de fontaine en contexte d'infection à la furonculose (*Aeromonas salmonicida*). Laboratoire Derome, Biologie.
5. **Carla Bautista Rodrigez** (Étudiante au doctorat). Is hybridization an adaptive force in response to stress? Laboratoire Landry, Biologie.
6. **Marie-Stéphanie Fradette** (Étudiante à la maîtrise). Élaboration d'un outil biomoléculaire de détection pour *Cryptosporidium* sp. Laboratoire Charette, Biologie - Microbiologie



# Liste des affiches (Cafétéria du pavillon Charles-Eugène-Marchand)

1. Marta Alonso García\*, Felix Grewe, Serge Payette et Juan Carlos Villarreal, **Genetic diversity and population structure in Lichen Woodland**, Laboratoire Villarreal Aguilar.
2. Simon Aubé\*, Axelle Marchant, Alexandre K. Dubé, François D. Rouleau, Isabelle Gagnon-Arsenault, Diana Ascencio, Philippe C. Després et Christian R. Landry, **Expression divergence and duplicate retention: Insights from the nuclear pore complex**, Laboratoire Landry .
3. Carla Bautista Rodríguez\*, Souhir Marsit, Christian R Landry, **Is hybridization an adaptive force in response to stress?**, Laboratoire Landry.
4. Gabriel Bégin\* & Patrick Lagüe, **Molecular Insights of Val430Ile Mutation Impact on Influenza Neuraminidase Resistance to Zanamivir**, Laboratoire Lagüe.
5. Julian J. A. Beniers\*, Marie-Hélène Deschamps, Grant W. Vandenberg, **Enzyme localization within the digestive tract of black soldier fly larvae (*Hermetia illucens*)**, Laboratoire Vandenberg,.
6. Antonio Blanchet\*, Johan Hallin, Eléonore Durand et Christian Landry, **Regulatory Dynamics of de novo Gene Expression Across Saccharomyces Species**, Laboratoire Landry.
7. Raphaël Bouchard\*, Julien April et Louis Bernatchez, **Effet de la température d'une rivière sur le succès reproducteur du saumon atlantique (*Salmo salar*, L.) remis à l'eau**, Laboratoire Bernatchez.
8. Vincent Boulanger\* et Stéphane M. Gagné, **Sknavirus: caractérisation des protéines pour une meilleure compréhension de leur fonctionnement**, Laboratoire Gagné.
9. Émilie Bourgault\*, Ugo Dionne, Alexandre Dubé, Philippe Després, Nicolas Bisson et Christian Landry, **Analyse des interactions médiées par les domaines SRC homology 3 (SH3) de SLA1 en les substituant par CRISPR-Cas9**, Laboratoire Landry.
10. Alexandra Bourgeois\*, Thi Thuy An Nguyen, Marie-Hélène Deschamps, Gabriel Pineault, Martine Dorais, Nicolas Derome, Satinder Kaur Brar, Yolaine Leboeuf et Grant Vandenberg, **Présence majoritaire d'un champignon filamenteux dans le microbiote des frass de larves de mouches soldats noires**, Laboratoire Vandenberg.
11. Stéphanie C. Brodeur\*, Steve J. Charette et Jean Barbeau, **Effets du farnésol et de *Pseudomonas aeruginosa* sur la filamentation chez *Candida albicans***, Laboratoire Charette.
12. Thais Campos de Oliveira\*, Camille Bédard, Philippe Tanguay, Jorge Villamil, Louis Bernier, **Rôle des transporteurs d'ammonium dans la fitness des champignons responsables de la Maladie Hollandaise de l'Orme**, Laboratoire Bernier.
13. Axelle Marchant, Angel F. Cisneros\*, Alexandre K. Dubé, Isabelle Gagnon-Arsenault, Diana Ascencio, Honey A. Jain, Simon Aubé, Chris Eberlein, Daniel Evans-Yamamoto, Nozomu

- Yachie et Christian R. Landry, **The role of structural pleiotropy and regulatory evolution in the retention of heteromers of paralogs**, Laboratoire Landry.
14. Mingming Cui\*, **Inference on population genetics of the invasive insect Asian Longhorned beetle**, Laboratoire Porth.
  15. Rohan Dandage\* and Christian R. Landry, **Paralog dependency indirectly affects the robustness of human cells**, Laboratoire Landry.
  16. Philippe C Després\*, Alexandre K Dubé, Motoaki Seki, Nozomu Yachie, Christian R Landry, **Systematic perturbation of yeast essential genes using base editing**, Laboratoire Landry.
  17. Bakary Diarra\*, Marie Hélène Deschamps, Yolaine Lebeuf, Grant. W Vandenberg, **Heat treatment inhibits anti-protease activity of black soldier fly meal and could improve protein digestibility in fish**, Laboratoire Vandenberg.
  18. Ugo Dionne\*, Émilie Bourgault, Alexandre Dubé, Rohan Dandage, Philippe Després, Nicolas Bisson et Christian Landry, **CRISPR-PCA screens highlight the contribution of protein context to the regulation of SRC Homology 3 (SH3) domains protein-protein interactions**, Laboratoire Landry.
  19. Bakary Diarra\*, Marie Hélène Deschamps, Yolaine Lebeuf, Grant. W Vandenberg, **Heat treatment inhibits anti-protease activity of black soldier fly meal and could improve protein digestibility in fish**, Laboratoire Vandenberg.
  20. Marika Drouin\*, Mathieu Hénault, Philippe Després et Christian Landry, **Étude de l'évolution adaptative chez la levure à la suite de l'insertion d'un élément transposable dans un génome naïf avec CRISPR-Cas9**, Laboratoire Landry.
  21. Alicia F. Durocher\*, Alix M. Denoncourt, Valérie E. Paquet et Steve J. Charette, **L'enrobage de quatre bactéries différentes par deux protozoaires de type cilié du genre Tetrahymena**, Laboratoire Charette.
  22. Sarah El Khoury\*, Jeff Gauthier, Bachar Cheaib, Pierre Giovenazzo et Nicolas Derome, **Clothianidin induces microbial gut dysbiosis to honey bees, *Apis mellifera***, Laboratoire Derome.
  23. Anna Fijarczyk\*, Mathieu Hénault, Souhir Marsit, Guillaume Charron, Christian R. Landry, **The origin of the Quebec beer strain from the first Canadian brewery**, Laboratoire Landry.
  24. Cynthia Gagné-Thivierge\*, Lise Folon, Guillaume Blanc, Bernard La Scola, Denis Boudreau, Alexander I. Culley, Jesse Greener and Steve J. Charette, **Development of a virology lab on a chip for the isolation and study of giant viruses infecting amoebae**, Laboratoire Charette.
  25. Jeff Gauthier\*, Sidki Bouslama, Hélène Marquis, Steve J. Charette et Nicolas Derome, **Le transcriptome hôte-microbiote de l'Ombre de fontaine en contexte d'infection à la furunculose (*Aeromonas salmonicida*)**, Laboratoire Derome.
  26. Harvey W.Y.\*, Gagné-Thivierge C. , Barbeau J., Greener J. et Charette S.J. **Dynamics of *Pseudomonas aeruginosa* biofilm formation in a microfluidic system**, Laboratoire Charette.

27. Mathieu Hénault\*, Souhir Marsit, Guillaume Charron, Hélène Martin, Anna Fijarczyk and Christian R. Landry, **Transposable elements dynamics in the face of hybridization: insights from the wild yeast *Saccharomyces paradoxus***, Laboratoire Landry.
28. Pauline Hessenauer\*, Anna Fijarczyk, Guillaume Charron, Jérôme Chapuis, Louis Bernier, Richard Hamelin, Christian R Landry, **Hybridization drives genome evolution in the Dutch elm disease pathogens**, Laboratoire Hamelin.
29. Kaumbu JMK\*, Stefani F, Catford J.G, Piché Y, Khasa D, **Arbuscular mycorrhizal fungi communities associated with a multi-purpose forest tree (*Pterocarpus tinctorius* Welw.), under the soil of high Al-Fe content**. Laboratoire Khasa.
30. Florence Ladonne\*, Nicolas Malenfant, Karamat Mohammad, Alexandre K. Dubé, Sébastien Leterme, Vladimir Titorenko and Yves Bourbonnais, **Membrane expansion during ER stress is partly due to accumulated GPI anchor intermediates and is regulated by GPLD1**, Laboratoire Bourbonnais.
31. Gabrielle R. Leduc\*, Valérie E. Paquet et Steve J. Charette, **Étude du comportement du phage T7-Ah d'*Aeromonas hydrophila* face à d'autres espèces du genre *Aeromonas* sp.** Laboratoire Charette.
32. Maeva Leitwein\*, Hugo Cayuela, Anne-Laure Ferchaud, Éric Normandeau, Pierre-Alexandre Gagnaire & Louis Bernatchez, **Recombination shapes genome-wide pattern of local ancestry in Brook charr (*Salvelinus fontinalis*)**, Laboratoire Bernatchez.
33. Marc-André Lemay\*, Jonas Andreas Sibbesen, Davoud Torkamaneh, Jérémie Hamel, Roger Lévesque, Anders Krogh, François Belzile, **Validation de variations structurales chez le soya à l'aide de données de séquençage Oxford Nanopore**, Laboratoire Belzile.
34. Pier-Michel Lettre\* et Manon Couture, **Mise en évidence d'un pKa modulant l'activité de dégradation de l'hème par la protéine ChuS de *Escherichia coli* O157:H7**. Laboratoire Couture.
35. Pierre-Étienne Marcoux\*, Marie-Ange Massicotte, Émilie Doucet, Valérie Paquet, Michel Frenette, Steve Charette, **Vers un auto-vaccin atténué efficace pour prévenir la furonculose chez les salmonidés**, Laboratoire Charette.
36. Souhir Marsit\*, Guillaume Charron, Mathieu Hénault, Hélène Martin et Christian R. Landry, **Intrinsic ploidy instability drives fertility recovery in experimental hybrid populations**, Laboratoire Landry.
37. Marie-Ange Massicotte\*, Antony T. Vincent, Anna Schneider, Valérie E. Paquet, Michel Frenette et Steve J. Charette, **Une souche d'*Aeromonas salmonicida* ssp. *salmonicida* avec deux plasmides inhabituels porteurs de gènes de résistance aux antibiotiques**, Laboratoire Charette.
38. Claire Mérot\*, Eric Normandeau, Emma Berdan, Haig Djambazian, Ioannis Ragoussis, Maren Wellenreuther, Louis Bernatchez, **How are inversions involved in adaptation to heterogeneous environments? Population genomics using low-coverage whole-genome sequencing in a seaweed fly**, Laboratoire Bernatchez.

39. Waly N. NDIAYE\*, Marie-Pierre LETOURNEAU- MONTMINY, Yolaine LEBEUF, Marie-Hélène DESCHAMPS, Grant W. VANDENBERG, **The accuracy of dual-energy X-ray absorptiometry (DXA) to assesses rainbow trout (*Onchorhynchus mykiss*) proximate composition and diet phosphorus retention**, Laboratoire Vandenberg.
40. Omri Salma\*, **Optimisation de la température de séchage au four à air chaud pour le maintien de l'activité anti-fongique des frass de mouches soldats noires**, Laboratoire Vandenberg.
41. Guillaume Quang N'guyen\*, Mani Jain, Christian R Landry, Marie Filteau, **The taming of the yeast: insights from functional genomics coculture experiments between *Saccharomyces cerevisiae* and *Pseudomonas spp.*** Laboratoire Filteau.
42. Morgane Philippe et Nadia Aubin-Horth\*, **Est-ce que les rythmes de l'horloge biologique varie avec la personnalité des individus?**, Laboratoire Aubin-Horth.
43. Marie-Ève Picard\* et Rong Shi, **Phenolic Acid Decarboxylases: Structural and Mechanistic Insights**, Laboratoire Shi.
44. Isabelle G. O. Prado\*, Karl Kemmelmeier, Marliane C. S. Silva, Betania G. Pedrosa, Mateus V. Bitarães, Damase Khasa, Maria Catarina M. Kasuya, **Arbuscular mycorrhizal fungal communities in an iron ore mining waste: comparison between field and trap culture**, Laboratoire Khasa.
45. Francois D Rouleau\*, Daniel Evans-Yamamoto, Alexandre K. Dubé, Nozomu Yachie, Aashiq H. Kachroo and Christian C. Landry, **The role of protein-protein interactions in gene replacement and functional complementation between species: A comprehensive approach**. Laboratoire Landry.
46. Waldiodio Seck\*, Davoud Torkamaneh et Francois Belzile, **Genome-wide association analysis reveals the genetic basis of root system architecture in soybean**, Laboratoire Belzile.
47. Maude Sévigny\*, Les N. Harris, Eric Normandeau, Brendan K. Malley et Jean-Sébastien Moore, **Biocomplexité dans les stocks d'ombles chevaliers anadromes (*Salvelinus alpinus*) au Nunavut: différenciation génétique à fine échelle entre des frayères d'un même bassin versant**, Laboratoire Moore.
48. Florent Sylvestre\*, Nadia Aubin-horth et Louis Bernatchez, **Origine et conséquence des conflits entre sexes**, Laboratoire Bernatchez.
49. Kevin C. Vaillancourt\*, Antony T. Vincent, Anna Schneider, Valérie E. Paquet, Marie-Ange Massicotte & Steve J. Charette, **Étude du plasmidome et autres éléments mobiles chez *Aeromonas salmonicida***, Laboratoire Charette.

# **Prix pour les meilleures affiches et présentations**

## **Conférencier-ière express :**

100 \$ pour le meilleur conférencier ou la meilleure conférencière express (1 prix)

## **Affiches :**

- 100 \$ au post-doctorant ou à la post-doctorante (1 prix)
- 100 \$, 75 \$ et 50 \$ aux étudiants et étudiantes au doctorat (3 prix)
- 100 \$, 75 \$ et 50 \$ aux étudiants et étudiantes à la maîtrise (3 prix)
- 100 \$, 75 \$ et 50 \$ aux étudiants et étudiantes au baccalauréat (3 prix)