



Journée étudiante de l'IBIS 2021

2021 IBIS Student Day



2021

Journée IBIS

25 août 2021

August 25 2021



www.journee.ibis.ulaval.ca

Journée Étudiante de l'IBIS 2021

2021 IBIS Student Day



Horaire

9h-10h45 : Présentations orales ([Zoom](#)) 15 minutes + 5 min Questions

10h45- 11h : Pause

11h- 12h : Session d'affiches 1 ([Virtualpostersession.org](#))

Pause dîner

13h-14h30 : Présentation du conférencier d'honneur Pr C. Brandon Ogbunu ([Zoom](#))

14h30-15h00 : Pause

15h-16h : Session d'affiches 2 ([Virtualpostersession.org](#))

16h-17h : Activité sociale virtuelle

25 août 2021

Schedule

9:00-10:45 : Oral Presentations ([Zoom](#)) 15 minutes + 5 min Q&A

10:45- 11:00 : Break

11:00- 12:00 : Poster session 1 ([Virtualpostersession.org](#))

Lunch Break

13:00-14:30 : Keynote Talk by Professor C. Brandon Ogbunu ([Zoom](#))

14:30-15:00 : Break

15:00-16:00 : Poster session 2 ([Virtualpostersession.org](#))

16:00-17:00 : Virtual social activity

August 25 2021



Liens

Présentations Zoom

Présentations orales, conférence du Pr C. Brandon Ogbunu

Voir [le programme envoyé par courriel](#) pour le lien vers la réunion Zoom.

Affiches

Présentation d'affiches du matin

Voir [le programme envoyé par courriel](#) pour le lien vers la session d'affiches.

Présentation d'affiches de l'après-midi

Voir [le programme envoyé par courriel](#) pour le lien.

Links

Zoom presentations

Oral Presentations, Pr. C. Brandon Ogbunu Keynote Talk

See [the program sent by email](#) for the functional link.

Posters

AM Poster session

See [the program sent by email](#) to access the poster session.

PM Poster session

See [the program sent by email](#) to access the poster session.



2021 | Journée IBIS



Keynote talk :

The rise of the "mutation biography:" from higher-order epistasis, to drugability and evolvability

« In this seminar, I introduce an abstraction--the "mutation biography"--that we can use to examine the phenotypic consequences of mutations across contexts. I explore the concept using single locus protein fitness landscapes, and highlight how the concept offers an intriguing lens for exploring a breadth of topics, ranging from epistasis, to drugability, evolvability and many others. »

Conférencier principal

Dr C. Brandon Ogbunu est professeur adjoint au Département d'Écologie et de Biologie Évolutive de l'Université Yale (CT, É-U). Ses travaux utilisent des concepts mathématiques et des méthodes computationnelles de la biologie des réseaux pour étudier l'évolution, de l'échelle moléculaire jusqu'aux populations. Ses recherches se transposent notamment en biologie évolutive fondamentale, en épidémiologie et dans l'évolution de la résistance aux antibiotiques. Il écrit également pour Wired et The Undeafated de ESPN.



Keynote Speaker

Dr. C. Brandon Ogbunu is Assistant Professor in the Department of Ecology and Evolutionary Biology at Yale University (CT, USA). His work uses mathematical concepts and computational methods from network biology to study evolution, from the molecular to the populational scales. His research transposes to multiple fields, from fundamental evolutionary biology to epidemiology and the evolution of antibiotic resistance. He is also a contributor for Wired and ESPN's The Undeafated.

**C. Brandon
Ogbunu**

<https://medium.com/ogplexus>

<https://medium.com/geeqslab>

Twitter [@big_data_kane](#)

Présentations orales

Oral Presentations

Romain Durand - Evolution of resistance to 5-fluorocytosine in minimal medium using two wild yeast strains



2021 | Journée IBIS



The current pandemic illustrates how poorly equipped we are against infectious diseases. However, before COVID-19 took the world by storm, people suffering from immunodeficiency were already facing multiple threats: viruses, bacteria but also fungi. In particular, pathogenic fungi display a higher mortality rate than malaria or breast cancer and are listed by the WHO as needing immediate attention. Because fungal cells are biologically close to animal cells, the development of selective antifungals is challenging. Moreover, the same compounds used to treat human infections are also used to control crop diseases. Their massive use in the clinic and the field has inevitably led to the emergence of resistance. Here, we describe a pipeline to study the evolution of resistance in yeast. Using two wild *Saccharomyces cerevisiae* strains, we performed a fluctuation assay in minimal medium to generate hundreds of mutants resistant to 5-fluorocytosine (5-FC). This pyrimidine analogue is imported in the cell, then converted to the chemotherapeutic agent 5-fluorouracil, a toxic compound which ultimately causes the death of the cell. Surprisingly, our study showed that mutations affecting the import and the conversion of 5-FC are rather rare. In contrast, around 30% of all mutants gained resistance by giving up mitochondrial function, thereby overexpressing crucial efflux pumps. We show that conditions mimicking those found in water treatment plants for example, are sufficient to lead to multidrug resistance. Finally, we propose a way in which our library could be screened in order to identify compounds that could potentially delay the appearance of resistance.

Clare Venney - Factors affecting the potential for epigenetic inheritance in plants and animals

Parental experiences can influence offspring phenotype and function through non-genetic inheritance. Epigenetic mechanisms have been increasingly studied and identified as an important contributor to non-genetic inheritance, though the prevalence, sources, persistence, and consequences of epigenetic inheritance remain unclear. Here we systematically reviewed more than 500 recent studies on epigenetic inheritance to identify trends in the frequency and persistence of epigenetic inheritance in plants and animals. We found that factors such as reproductive mode and timing of germline segregation may influence the potential for epigenetic inheritance to occur. Genetic, intrinsic (e.g., disease), and extrinsic factors (e.g., environmental chemicals) often affect offspring epigenetics, with important implications for offspring phenotype and fitness. We also suggest future research endeavours based on gaps in the knowledge identified by our review. Overall, we show that epigenetic inheritance is common regardless of taxa, though reproductive mode and timing of germline segregation may affect the frequency and persistence of epigenetic inheritance.

Présentations orales (2/3)

Oral Presentations (2/3)

Samuel Plante - Protein phase separation modulation during fungal development



2021 | Journée IBIS



Fungal spores are dormant cells which can survive and disseminate over long period of time until they resume growth in suitable environment. Despite the importance of fungal spores, the molecular mechanisms supporting the maintenance and braking of dormancy are poorly understood. Increasing number of evidences support that biomolecular condensates driven by protein phase separation have key functions in cell biology. Given the distinct physicochemical properties in spores, we suspect that specific protein phase separation events occur in this cell type. Using a separation method by ultracentrifugation, we identified by mass spectrometry 138 proteins which were detected in the pellet fraction of dormant spore but were found in the supernatant fraction quickly after development induction. Among these solubilizing proteins, 81 were detected in supernatant fraction in later development time-points and in vegetative yeast cells, while the other 57 separated back in the pellet fraction in later time-points. These results highlight the transitory nature of spore development. Further exploration of protein phase separation modulation in spores will unveil the specific mechanisms driving their development. These will likely come out as novel investigation paths to better understand the local fungal adaptation, for example in term of climatic changes or pathogenic relation with their host.

Alicia Durocher - La divergence intra-espèce chez *Aeromonas salmonicida* lorsque soumis à la prédation par *Tetrahymena pyriformis*

L'espèce bactérienne aquatique *Aeromonas salmonicida* compte plusieurs sous-espèces aux modes de vie différents et aux hôtes différents. De façon générale, on peut la diviser en deux groupes selon leur capacité de croître à 37 °C: les sous-espèces psychrophiles et les sous-espèces mésophiles. Malgré les différences comportementales observées, toutes ces sous-espèces sont similaires génomiquement et phylogéniquement, suggérant le besoin d'un reclassement des sous-espèces. Le rôle des différences de style de vie chez cette espèce fut étudié dans un contexte de prédation par *Tetrahymena pyriformis*, un protozoaire cilié bactériovore retrouvé dans de nombreux environnements aquatiques. Certaines bactéries peuvent résister à cette prédation et différentes stratégies peuvent être déployées par celles-ci pour survivre à la prédation. La survie des bactéries et des ciliés à la suite de la co-culture de ceux-ci fut évaluée, révélant une séparation entre les espèces psychrophiles et mésophiles en termes de survie à la prédation et montrant également une divergence dans les mécanismes de survie utilisés chez les souches mésophiles. Plusieurs questions restent en suspens quant à la relation entre bactéries et protozoaires et cette étude démontre bien la complexité de celle-ci, ainsi que la grande variété phénotypique présente au sein de l'espèce bactérienne étudiée. Également, la méthode employée pourrait servir à quantifier rapidement la virulence de nouvelles souches de *A. salmonicida*.

Présentations orales (3/3)

Oral Presentations (3/3)



2021 | Journée IBIS



Jean-Philippe Laverdière - Contrôle génétique et sélection génomique pour la réponse à la sécheresse chez l'épinette blanche

En contexte de changements climatiques anticipés, des épisodes de sécheresses de plus en plus intenses et fréquents affecteront la disponibilité en eau des espèces forestières boréales, poussant les améliorateurs des arbres à considérer l'adaptation aux stress hydriques comme une priorité. Nous avons utilisé un test comparatif de descendance d'épinette blanche (*Picea glauca* [Moench] Voss) de 19 ans établi sur deux sites ayant subi des épisodes de sécheresse pour comparer le contrôle génétique et le potentiel d'amélioration pour la réponse à la sécheresse par rapport aux caractères plus conventionnels comme ceux reliés à la croissance. Pour ce faire, nous avons utilisé l'approche de sélection par la génomique (SG) et celle de la sélection classique basée sur l'information du pedigree (SP). Le contrôle génétique pour les caractères de réponse à la sécheresse était un peu plus faible que pour ceux de croissance, mais avec des gains génétiques estimés comparables, ce qui permet d'envisager l'utilisation de la SG dès le plus jeune âge. Nous avons observé des corrélations opposées entre les deux sites étudiés entre les caractères de résistance au stress hydrique et la croissance radiale des arbres, mais certains scénarios de sélection ont permis d'améliorer tous les caractères en sacrifiant très peu le gain en hauteur, qui est le caractère prioritaire ciblé pour cette espèce au Québec. Nos résultats suggèrent que l'intégration de la réponse à la sécheresse au niveau des programmes d'amélioration génétique de l'épinette blanche ne nécessite qu'un léger sacrifice pour la croissance en hauteur, mais que la précision au niveau des prédictions obtenues par l'approche génomique ou classique est négativement affectée par les plus faibles effectifs d'un seul site lorsque les épisodes de stress hydriques sont différents d'un site à l'autre.



Sessions d'affiches

Les sessions d'affiches de cette année se déroulent sur la plateforme web virtualpostersession.org. Consultez le programme envoyé par courriel pour accéder à la session de l'avant-midi [ICI](#), et à celle de l'après-midi [ICI](#).

Virtual Poster Session vous offre la possibilité de clavarder et/ou de discuter via une salle de réunion Zoom avec les participants. Afin de favoriser les échanges et tenir compte du bilinguisme lors de notre événement, vous pouvez identifier la langue à privilégier lors de vos échanges avec chaque présentateur, à l'aide de l'option « Track ».

Poster sessions

This year's poster sessions are taking place on the virtualpostersession.org web platform. See the program sent by email to access the morning session [HERE](#), and the afternoon session [HERE](#).

The Virtual Poster Session platform offers the possibility to chat and/or discuss via a Zoom meeting room with the participants. To take into account bilingualism during our event, you can identify the language to be privileged during your exchanges with each presenter by selecting the appropriate "Track" option.

Session du matin / AM session

1. Camille Bédard*, Vincent Gélinas, Isabelle Gagnon-Arsenault, Christian R. Landry. **Functional Impact of Erg11 Amino Acid Substitutions on Azole Antifungals Resistance** (bacc./BSc, BIO, labo Landry)
2. Kim C. Fournier*, Valérie E. Paquet, Anthony T. Vincent, Steve J. Charette. **Mise en évidence de variants du plasmide pRAS3 dans des souches d'*Aeromonas salmonicida* ssp. *salmonicida*** (bacc./BSc, BCM, labo Charette)
3. Vincent Gélinas*, Camille Bédard, Isabelle Gagnon-Arsenault, Christian R. Landry. **Importance of the overabundance of Erg11p in the resistance of pathogen fungi to antifungals from the azole's class** (bacc./BSc, BIO, labo Landry)
4. Sarah B. Girard*, Valérie E. Paquet, Steve J. Charette. **Improvement of virulence factor phenotyping tests for *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida*** (bacc./BSc, BCM, labo Charette)
5. Jordan Jalbert-Ross*. **Study of antifungal resistance in an environmental strain of *Saccharomyces cerevisiae*** (bacc./BSc, BCM, labo Landry)
6. Pradum Kumar*, Angel F. Cisneros, Christian R. Landry. **Analysis of the effect of mutations on protein complexes using comparative analysis of orthologous sequences** (bacc./BSc, BCM, labo Landry)

Sessions d'affiches (2/3)

Poster sessions (2/3)

Session du matin (suite) / AM session (cont.)



7. Maude F. Paquet*, Valérie E. Paquet, Pierre-Étienne Marcoux, Steve J. Charette. **Création et caractérisation d'une collection de *Flavobacterium*** (bacc./BSc, BCM, labo Charette)
8. Sabrina Rowluck-Verreault*. **Méthodes de culture afin de produire un inoculum ectomycorhzien avec les champignons *Laccaria bicolor*, *Hebeloma crustiforme* et *Amphenima byssoïdes*** (bacc./BSc, SBF, labo Khasa)
9. Ria Sonigara*, Philippe C Després, Christian R. Landry. **Comparative Mutational analysis of FCY1 using Deep Scanning and GEMME** (bacc./BSc, BCM, labo Landry)
10. Simon Aubé*, Lou Nielly Thibault, Christian R. Landry. **The evolution of yeast duplicated genes in transcription and in translation** (maîtrise/MSc, BCM, labo Landry)
11. Félix-Antoine Deschênes-Picard*. **Mycorhization et fructification contrôlée de *Lactarius deliciosus* en association avec trois espèces résineuses** (maîtrise/MSc, SBF, labo Khasa)
12. Soham Dibyachintan*, David Bradley, Christian R. Landry. **Evolution of domain-peptide interactions in SH3 proteins** (maîtrise/MSc, BCM, labo Landry)
13. Marika Drouin*, Mathieu Hénault, Johan Hallin, Christian R. Landry. **Testing the genomic shock hypothesis using transposable element expression in yeast hybrids** (maîtrise/MSc, BCM, labo Landry)
14. David Jordan*, Alexandre K. Dubé, Christian R. Landry. **Deep Mutational Scanning of the SH3 domain of Sho1 and its corresponding motif on Pbs2** (maîtrise/MSc, BCM, labo Landry)
15. Gabrielle R. Leduc*, Valérie E. Paquet, Steve J. Charette. **LPM4, the infectious counterpart bacteriophage of *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida* Prophage 3, requires the A-layer in its infection process** (maîtrise/MSc, BCM, labo Charette)
16. Pascale Lemieux*, David Bradley, Alexandre K. Dubé, Christian R. Landry. **Ancestral sequence reconstruction of Scr Homology 3 domains to understand protein-protein interactions evolution patterns.** (maîtrise/MSc, BCM, labo Landry)
17. Alicia Pageau*, Johan Hallin, Christian R. Landry. **Study of the structural properties of de novo genes and their fitness impact in budding yeast** (maîtrise/MSc, BCM, labo Landry)
18. Mouhamed Thiam*. **Étude des interactions entre les herbacées et l'*Alnus crispa* mycorhizé** (maîtrise/MSc, SBF, labo Khasa)

Sessions d'affiches (3/3)

Poster sessions (3/3)

Session de l'après-midi / PM session



2021 | Journée IBIS



19. Amill F.*, Bousslama S., Couture P., Rautio M., Derome N. **Characterization of host-microbial interactions in gills in wild Arctic charr populations across latitudes in Arctic** (doc./PhD, BIO, labo Derome)
20. Carla Bautista*, Souhir Marsit, Christian R. Landry. **Le rôle de l'hybridation lors de l'exposition au stress** (doc./PhD, BIO, labo Landry)
21. Alexandre Carbonneau*. **Population genomics of Ungava Atlantic salmon (*Salmo salar*)** (doc./PhD, BIO, labo Bernatchez)
22. Angel F. Cisneros*, Isabelle Gagnon-Arsenault, Alexandre Dubé, Philippe Després, Christian R. Landry. **Expression level shapes a mutational fitness landscape** (doc./PhD, BCM, labo Landry)
23. Daniel Evans-Yamamoto*, François Rouleau, Piyush Nanda, Koji Makanae, Yin Liu, Philippe Després, Hitoshi Matsuo, Motoaki Seki, Alexandre K. Dube, Diana Ascencio, Nozomu Yachie, Christian R. Landry. **BFG-PCA: tools and resources that expand the potential for binary protein interaction discovery** (doc./PhD, BIO, labo Landry)
24. Mathieu Hénault*, Souhir Marsit, Guillaume Charron, Christian R. Landry. **Understanding the dynamics of TEs in hybrid genomes: insights from natural and experimentally evolved yeast populations** (doc./PhD, BCM, labo Landry)
25. Meryam Magri*, Ahmad Abdel-mawgoud Saleh. **Genome mining for the identification and discovery of novel rhamnolipid-producing bacteria** (doc./PhD, BCM, labo Abdel-Mawgoud)
26. Thomas Pitot*, Mary Thaler, Myriam Labbé, Warwick Vincent, Alexander Culley. **Giant viruses in the extreme Arctic: characterization of *Nucleocytoviricota* in Milne Fiord, Canada** (doc./PhD, BCM, labo Culley)
27. François D. Rouleau*, Isabelle Gagnon-Arsenault, Christian R. Landry. **Epistasis, fitness landscapes and drug resistance: The power of directed evolution** (doc./PhD, BCM, labo Landry)
28. Florent Sylvestre*, Claire Mérot, Eric Normandeau, Nadia Aubin-Horth, Louis Bernatchez. **Génomique des conflit sexuel intra-locus chez l'épinoche à trois épines** (doc./PhD, BIO, labo Bernatchez)
29. Anna Fijarczyk*, Pauline Hessenauer, Richard Hamelin, Christian R. Landry. **Genome streamlining in a forest fungal pathogen** (postdoc, BIO, labo Landry)
30. Claire Mérot*, Clément Rougeux, Kristina S R Stenløkk, Eric Normandeau, Clare Venney, Kyle Wellband Mariann Arnyasi, Michel Moser, Sigbjørn Lien, Louis Bernatchez. **What is the dual role of point mutations and structural variants in species differentiation in the Lake Whitefish complex?** (postdoc, BIO, labo Bernatchez)
31. Sabrina A. Attéré*, Antony T. Vincent, Steve J. Charette. **Des petits plasmides d'*Aeromonas salmonicida* au grand potentiel** (pro. rech./res. pro., BCM, labo Charette)

Concours de conception de logo

Félicitations à Loïc Soumila, étudiant au doctorat en biologie sous la direction de Ilga Porth et de Juan Carlos Villarreal, qui a gagné le concours de conception de logo pour la Journée Étudiante IBIS 2021! Il s'est mérité un prix de 150\$!



Logo design contest

Congratulations to Loïc Soumila, Ph.D student in biology, supervised by Ilga Porth and Juan Carlos Villarreal, who won the IBIS student day 2021 logo design contest! He received a 150\$ prize!

Comité Étudiant de l'IBIS

Le comité étudiant de l'IBIS qui a organisé la journée étudiante de l'IBIS 2021 est composé de :

Claire Depardieu (co-présidente) – Laboratoire Bousquet
Marika Drouin (co-présidente) – Laboratoire Landry
Simon Aubé - Laboratoire Landry
Philippe Després - Laboratoire Landry
Mathieu Hénault - Laboratoire Landry
David Jordan - Laboratoire Landry
Gabriela Ulmo Diaz - Laboratoire Bernatchez

Le comité est ouvert à tous les étudiantes et étudiants de l'IBIS. Pour participer à l'organisation de la prochaine édition de la Journée étudiante de l'IBIS ou soumettre votre idée d'initiative étudiante, écrivez à comite.etudiant@ibis.ulaval.ca ou surveillez nos courriels de recrutement.

IBIS Student Committee

The student committee that organised this edition of the IBIS Student Day is comprised of :

Claire Depardieu (co-chair) – Bousquet Lab
Marika Drouin (co-chair) – Landry Lab
Simon Aubé - Landry Lab
Philippe Després - Landry Lab
Mathieu Hénault - Landry Lab
David Jordan - Landry Lab
Gabriela Ulmo Diaz - Bernatchez Lab

Membership in the committee is open to all students of IBIS. To participate in the organisation of the next IBIS Student Day or submit your idea for a student initiative, please write to comite.etudiant@ibis.ulaval.ca or keep an eye out for recruitment emails.