

**Programme en français**

# **JOURNÉE ÉTUDIANTE DE L'IBIS**

## **12<sup>e</sup> édition**



**PAVILLON CHARLES-EUGÈNE-MARCHAND**

**26 AOÛT 2022**

# Bienvenue!

C'est un réel plaisir de vous accueillir en personne à la 12<sup>e</sup> édition de la journée étudiante de l'IBIS après deux éditions à distance. Avec 14 présentations étudiantes, 47 affiches et une conférence d'honneur de la Pre Isabelle Laforest-Lapointe, nous avons décidé de faire ça en grand. Au plaisir de vous y voir!

## Présentation sur Zoom

Les présentations auront lieu en personne à la salle Hydro-Québec. Elles seront également diffusées en direct sur Zoom :

## [Lien Zoom](#)

## Port du masque

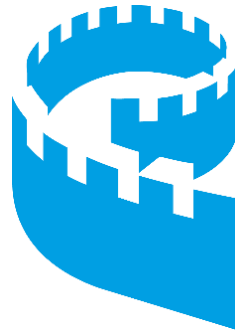
Si cet ibis peut porter un masque, vous aussi! Le port du masque est exigé dans la salle Hydro-Québec lors des présentations. Le masque est aussi recommandé lors des contacts proches, entre autres lors des sessions d'affiches.



MERCI À NOS GÉNÉREUX COMMANDITAIRES

Palier Platine

**ThermoFisher**  
S C I E N T I F I C



CENTRE  
DES CONGRÈS  
DE QUÉBEC



**Genome**Québec



**MGI**

# Palier Argent



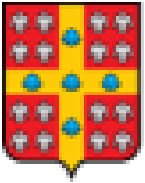
UNIVERSITÉ  
LAVAL

Département des sciences  
du bois et de la forêt



UNIVERSITÉ  
LAVAL

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



UNIVERSITÉ  
LAVAL

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



UNIVERSITÉ  
LAVAL

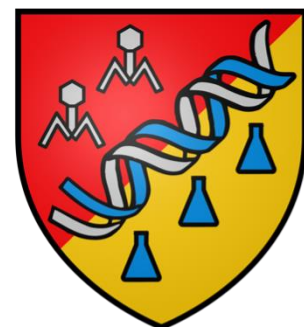
Faculté des sciences et de génie  
Département de biochimie, de microbiologie  
et de bio-informatique



eppendorf



SARSTEDT



ACEBMUL

# Horaire

**8h45** Arrivé des participants

**9h00** Ouverture

**9h05** **Présentations longues et courtes (30 et 15 min)**

Epistasis between promoter activity and coding mutations shapes gene evolvability

**Angel F. Cisneros**

Construction d'un pipeline de caractérisation du polymorphisme génétique ponctuel et structural : application au saumon atlantique

**Laurie Lecomte**

Conditions optimales de croissance et de conservation pour un vaccin vivant atténué contre la furonculose

**Sarah B. Girard**

Un poisson d'eau froide qui n'aimait pas l'eau chaude ; Étude de génomes entiers du flétan du Groenland

**Anne-Laure Ferchaud**

**10h45** Pause café

**11h00** Session d'affiche 1

**Niveaux Baccalauréat, Maîtrise et Postdoctoral**

**12h00** Dîner

**13h00** **Conférence d'honneur - Pre Isabelle Laforest-Lapointe**

**14h00** Session d'affiche 2

**Niveau Doctorat**

**15h00** Pause café

# Horaire (suite)

## 15h15 Présentations éclair (5 min)

Tous les clones de cannabis sont-ils les mêmes? Une histoire de méthylation de l'ADN

**Justin Boissinot**

Phages of Acinetobacter baumannii

**Martina Scarrone**

Portrait de la contamination de trois eaux de sources du Québec par Cryptosporidium et Giardia

**Marie-Stéphanie Fradette**

Contribution of paralogue interference to the evolution of duplicated genes and the fitness landscape of protein complexes

**Florian Mattenberger**

Functional impact of mutations in Erg11 on resistance to azole antifungals

**Camille Bédard**

L'adaptation au climat vue par l'analyse rétrospective des cernes annuels chez les espèces-sœurs : épinettes noire et rouge

**Edouard Reed-Métayer**

Deciphering the role of the clubroot pathogen effectors in plant immunity

**Marina Silvestre Vañó**

Applying Deep Learning (Transformers) for high-quality variant calling refinement

**Omar Abdelwahab**

## 16h00 Présentations courtes (15 min)

Les conflits entre sexes maintiennent-ils de la diversité génétique dans les populations naturelles?

**Florent Sylvestre**

Population structure of the American Eel

**Gabriela Ulmo Diaz**

## 16h30 Coquetel, annonce des prix et souper

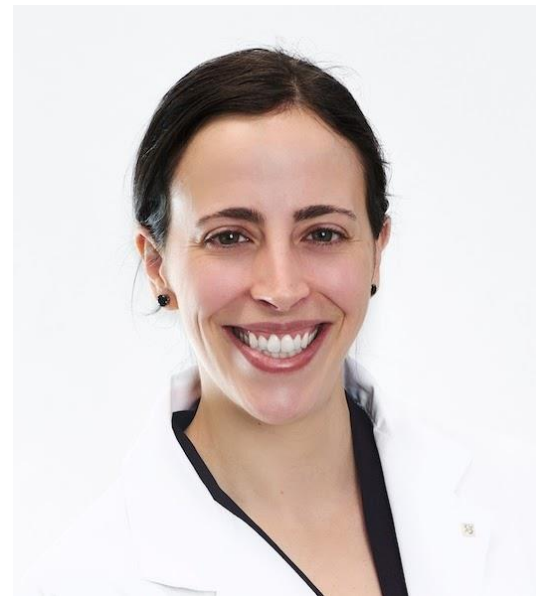
# Conférence d'honneur

Pre Isabelle Laforest-Lapointe

Conférence en personne ou sur ZOOM :

<https://ulaval.zoom.us/j/8156465253?pwd=TkRaUFhtQVNxd0s1djdCdklzaX>

Professeure à l'Université de Sherbrooke depuis 2020, Isabelle Laforest-Lapointe est titulaire de la Chaire de Recherche du Canada en écologie microbienne appliquée. Avant d'obtenir son poste de professeure, elle a complété un stage postdoctoral à l'Université de Calgary et un doctorat à l'UQAM sous la supervision des professeurs Steven Kembel et Christian Messier. Ces travaux portent sur les interactions hôte-microbes dans divers milieux.



L'écologie microbienne est définie comme un domaine de recherche s'intéressant aux interactions hôte-microbes (bactéries, champignons, levures, archées, protistes et virus) et aux dynamiques d'assemblage des communautés. Depuis 10 ans, je m'intéresse à l'écologie des communautés microbiennes, plus particulièrement celles colonisant les plantes et les humains. Lors de cette conférence, je présenterai les résultats de mes recherches multidisciplinaires allant de la forêt tempérée québécoise à l'intestin humain en passant par les milieux urbains et les sites miniers. Je parlerai également de mon parcours académique qui a débuté comme étudiante au baccalauréat en biologie à l'Université Laval en 2007 et qui se poursuit désormais comme leader de mon groupe de recherche et d'une chaire de recherche du Canada en écologie microbienne appliquée à l'Université de Sherbrooke. Au plaisir de vous y voir!

# Présentations longues

## **Epistasis between promoter activity and coding mutations shapes gene evolvability**

Angel F. Cisneros, Isabelle Gagnon-Arsenault, Alexandre K. Dubé, Philippe C. Després, Pradum Kumar, Kiana Lafontaine, Joelle N. Pelletier, Christian R. Landry

Mutation is one of the driving forces of evolution. For protein-coding genes, mutations can affect the sequence of the encoded protein and modify its function. These changes can be deleterious or beneficial, ultimately contributing to how organisms adapt to the environment and to which genotypes become more abundant. As a result, much work has focused on studying mutational fitness landscapes, that is, the distribution of effects mutations in the protein sequence have on fitness. However, fitness landscapes have been widely recognized to change depending on the environment, which shows the need for studies testing mutations in the protein sequence and other factors at the same time. Here, we use deep mutational scanning (DMS) to survey the fitness landscape of a small tetrameric enzyme. We used the plasmid-encoded DfrB1 dihydrofolate reductase to systematically test the effect of all possible single mutations on the protein under different expression levels resulting from the induction of the arabinose promoter with different inducer concentrations. As expected, we find that many mutations, often found in positions that show little variation in naturally occurring sequences, are deleterious regardless of the expression level. However, many other mutations that are deleterious at low expression levels become less deleterious when expression approaches the optimal level. We study the factors behind this epistatic effect between expression level and fitness effects of mutations. We find that when the expression level is low, mutants that increase translation rate become beneficial; while the optimal promoter activity masks the effects of many mutations, particularly those that are slightly destabilizing. Overall, our results suggest that the expression level of a protein is a major determinant of its fitness landscape. As a result, changes in expression level could play an important role in crossing fitness valleys by making certain protein regions less sensitive to mutations.

## **Un poisson d'eau froide qui n'aimait pas l'eau chaude ; Étude de génomes entiers du flétan du Groenland**

Anne-Laure Ferchaud, Eric Normandeau, Charles Babin, Kim Praebel, Céline Audet, Joanne Morgan, Margaret Treble, Walkusz Wojciech, Pascal Sirois, Louis Bernatchez

Le flétan du Groenland (*Reinhardtius hippoglossoides*) est une des principales espèces de poissons de fond exploitées commercialement dans l'est du Canada. Les résultats des travaux génomiques conduits sur cette espèce dans le cadre d'un projet pluridisciplinaire visant à contribuer à maintenir la durabilité à long terme de cette espèce, vous sont présentés. Après avoir assemblé de novo le génome de référence, nous avons généré des séquences de génomes entiers à partir de 1 297 flétans du Groenland échantillonnés dans 32 localités de l'Atlantique Nord-Ouest qui nous ont permis d'extraire des données de polymorphismes pour des millions de variants. Cette haute résolution d'analyse a permis notamment de révéler la forte connectivité entre les côtes canadiennes et groenlandaises et la spécificité du Golfe du Saint-Laurent. Des analyses d'association environnementale nous indiquent que l'environnement explique jusqu'à 54 % de cette spécificité et que les flétans du Golfe du Saint Laurent se distinguent notamment par leur réponse adaptative à la forte augmentation de température des eaux de surface et profondes et à la déprivation d'oxygène qui s'opèrent dans le système du Saint Laurent. Enfin des simulations de coalescence nous permettent d'estimer une forte capacité de migration entre le Golfe et l'Atlantique Nord-Ouest qui permettrait aux poissons du Golfe de venir s'établir sur les côtes du Labrador pour fuir des conditions environnementales qui deviendraient trop défavorables. En plus de contribuer à améliorer les connaissances de base sur les déterminants de la divergence des populations et de l'adaptation locale dans l'environnement marin, ce travail démontre également l'utilisation d'une approche pratique de séquençage entier de génomes à faible couverture pour soutenir la gestion d'une espèce exploitée importante.



# Présentations courtes (1/2)

## Population structure of the American Eel

Gabriela Ulmo Diaz, Augustin Engman, Bill McLarney, Carlos A. Lasso Alcalá, Dean Hendrickson, Etienne Bezault, Eric Feunteun, Fernando L. Prats-Léon, Jean Wiener, Robert Maxwell, Ryan Mohammed, Thomas Kwak, Berenice Bougas, Eric Normandeau, Louis Bernatchez

The American Eel (*Anguilla rostrata*) is an important fishery resource in the North American Atlantic coast. Of economical and traditional importance, the species is currently labeled as Endangered in the Red List of the IUCN and considered Threatened by the Committee on the Status of Endangered Wildlife in Canada (COSEWIC). Current consensus is that this facultative catadromous and semelparous fish reproduces in the Sargasso Sea, from where it disperses to watersheds from Greenland to Colombia, thriving in geographically distant and ecologically diverse habitats. Habitat associated phenotypes, diversity in life history and behavior, in addition to uncertainty about its migration routes, have cast doubt on the genetic structure of the species, but previous research strongly supports panmixia in the north portion of its distribution range, from Canada to Florida. Despite the presence of both survival and commercial fisheries, knowledge (including genetic structure) about the species is lacking in the Caribbean and the Gulf of Mexico. However, confirmation of unrestricted gene flow has far-reaching repercussions for conservation decision-making, as well as fisheries policy and management. Here we use low coverage whole genome sequencing to explore *A. rostrata* genetic structure throughout the whole species range and discuss the evolutionary and conservation implications of our findings.

## Construction d'un pipeline de caractérisation du polymorphisme génétique ponctuel et structural : application au saumon atlantique (*Salmo salar*)

Laurie Lecomte, Anne-Laure Ferchaud, Claire Mérot et Louis Bernatchez

Les variations structurales de l'ADN, notamment les insertions, les délétions, les duplications et les inversions, représentent une importante proportion de la variation génétique intraspécifique et sont susceptibles de contribuer à certains processus adaptatifs. Cependant, elles demeurent peu documentées chez les espèces non modèles, particulièrement en génomique des populations sauvages, en raison des limites inhérentes aux approches génomiques conventionnelles. À cette fin, le saumon atlantique (*Salmo salar*), dont les traits d'histoire de vie présentent une forte variabilité entre populations, représente un organisme idéal pour étudier les variations structurales d'importance adaptative. Dans ce contexte, nous avons élaboré un pipeline bioinformatique visant à caractériser l'ensemble de la variation génomique chez deux populations de saumon atlantique de la Côte-Nord (Québec) qui diffèrent dans leur habitat et leurs traits d'histoire de vie (croissance, âge à la reproduction). Ce pipeline repose, d'une part, sur l'intégration du séquençage de deuxième et de troisième génération, et de l'autre, sur la combinaison d'une large gamme d'outils de détection des variations structurales, afin d'identifier et de génotyper la variation génétique dans les génomes de 60 saumons. Plus de 200000 variations structurales candidates et 13 millions de polymorphismes nucléotidiques simples (SNPs) ont été catalogués. Plusieurs de ces variants ont un indice de fixation ( $F_{st}$ ) élevé et sont situés à proximité de gènes enrichis pour certaines fonctions biologiques fondamentales, suggérant ainsi un rôle dans l'adaptation locale des deux populations à l'étude. Cette démarche hybride pourra servir d'outil pour l'étude des variations structurales, facilitant ainsi leur intégration en génomique des populations des salmonidés.

## Présentations courtes (2/2)

### Conditions optimales de croissance et de conservation pour un vaccin vivant atténué contre la furonculose

Sarah B. Girard, Valérie E. Paquet et Steve J. Charette

La bactérie *Aeromonas salmonicida* sous-espèce *salmonicida* est un agent pathogène majeur des poissons, l'agent causatif de la furonculose. Le principal moyen employé pour contrer la furonculose est l'utilisation d'antibiotiques. Ces derniers ne sont pas toujours efficaces et contribuent à l'augmentation des gènes de résistance dans la nature. Nous développons actuellement une nouvelle stratégie vaccinale pour prêter main-forte à l'industrie piscicole. Elle se base sur l'utilisation de souches bactériennes atténuées ayant perdu naturellement leur virulence par un traitement thermique. Dans le but de produire une grande quantité de ces souches vaccinales pour leur utilisation par les pisciculteurs, les paramètres de croissance de ces souches sont primordiaux. Bien qu'il soit connu que l'espèce pousse préférentiellement à 18°C avec oxygène, le milieu de croissance idéal et sa conservation n'ont pas été investigués. La présente étude a permis de confirmer qu'un milieu HL5 permet une très forte croissance et une conservation pendant une semaine à 4°C. Avec ces conditions, les facteurs de virulence résiduels présents sur ces souches et qui aideront à l'immunisation espérée des poissons ne sont pas impactés. Ces conditions de culture et d'entreposage seront donc celles utilisées pour la production de souches vaccinales pour une future vaccination par balnéation.

### Les conflits entre sexes maintiennent-ils de la diversité génétique dans les populations naturelles?

Florent Sylvestre, Claire Mérot, Éric Normandeau, Louis Bernatchez

Chez les espèces à reproduction sexuée, mâles et femelles ont souvent des valeurs optimales de trait différentes. Ces conflits sexuels intralocaux peuvent maintenir de la diversité génétique via de la sélection balancée. Cependant, détecter la signature de ces conflits intralocus est une tâche complexe, et on manque d'information quant à la fréquence de ces conflits à travers les génomes. De plus, si ces conflits peuvent en théorie maintenir de la diversité génétique, cette hypothèse a rarement été directement testée dans des jeux de données génomiques, et on ignore quelle proportion de ces conflits évolue réellement sous sélection balancée.

Notre étude propose d'explorer ces questions en utilisant l'épinoche à trois épines (*Gasterosteus aculeatus*), une espèce modèle en biologie évolutive présentant de nombreuses différences entre ses mâles et ses femelles. En séquençant le génome complet de 50 mâles et 50 femelles d'une population anadrome du Saint-Laurent, nous avons pu mettre en évidence la présence de conflits sexuels intralocus potentiels dans le génome de l'épinoche à trois épines. En testant l'association entre ces conflits et la diversité génétique, nous avons mis en évidence que la majorité de ces conflits potentiels n'étaient pas associés à des régions de plus haute diversité génétique, à l'exception de 4 régions du génome. Nos résultats suggèrent que la majorité des conflits sexuels intralocus sont vraisemblablement transitoires, et sont soit rapidement résolus, soit ne sont pas stables dans le temps, et représentent probablement un processus dynamique.

# Présentations éclair (1/4)

## Tous les clones de cannabis sont-ils les mêmes? Une histoire de méthylation de l'ADN

Justin Boissinot et Davoud Torkamaneh

Dans le domaine du cannabis médical (*Cannabis sativa* L.), le maintien de lignées stables est crucial pour assurer l'administration de substances identiques aux patients. La culture in vitro (CIV) est une technique avantageuse permettant la production rapide de plusieurs générations de plantes par culture cellulaire dans un milieu de croissance contrôlé. Les plantes produites sont considérées comme des clones partageant des génotypes identiques. Cependant, il a été observé que les différents stress liés aux conditions physiques et chimiques du milieu de culture affectent la fidélité et l'uniformité des clones produits. Il est donc important de comprendre les causes de ces variations pour assurer la production de plantes stables et uniformes. Dans ce projet, la méthylation de l'ADN, un facteur épigénétique connu pour affecter l'expression des gènes et le phénotype, est étudiée dans une population de 78 clones de cannabis dérivés de la CIV. L'ADN extrait de chaque échantillon a été utilisé pour créer deux bibliothèques de génotypage par séquençage (GBS) digérées avec deux ensembles d'enzymes de restriction ayant une sensibilité différente à la méthylation. Les bibliothèques ont été séquencées avec un système Illumina NovaSeq 6000 et ont généré ~200 M de séquences « paired-end ». L'analyse bio-informatique a été réalisée pour détecter les patrons de méthylation entre les bibliothèques. Ces travaux permettent l'amélioration des protocoles de CIV, le maintien de lignées de cannabis stables et une meilleure compréhension de l'impact des facteurs épigénétiques dans la CIV qui sera également utile pour plusieurs espèces cultivées avec cette technique.

## Phages of *Acinetobacter baumannii*

Martina Scarrone and Sylvain Moineau

*Acinetobacter baumannii* is an opportunistic pathogen known to cause fatal nosocomial infections worldwide. With the surge of multidrug resistant strains, effective treatment measures have become very limited. If no action is taken, drug-resistant diseases could cause 10 million deaths each year by 2050 and, according to the World Health Organization, *A. baumannii* requires urgent measures as it was ranked as of main priority due to its devastating consequences. So far, several alternatives to replace antibiotics have been proposed, being phage therapy one of the most promising. However, this approach still presents some challenges that prevent it from being already widely applied, which could be addressed by having a better understanding of the phage and host genomics. Our hypotheses propose that by adapting a CRISPR-Cas9-based genome editing tool, *A. baumannii* phages could be engineered to modulate virulence, optimize host range of isolates, and minimize resistance development. The main goal of this project is to develop customizable phage cocktails to treat *A. baumannii* infections. For that, a large collection of strains and phages was generated and characterized, and a phage genome editing tool is being developed to allow a thorough study of the functions of phage genes and proteins. That way, new and unprecedented knowledge on the subject will be provided, which may allow a better management of phage cocktails and contribute to this global health issue.

# Présentations éclair (2/4)

## **Portrait de la contamination de trois eaux de sources du Québec par *Cryptosporidium* et *Giardia***

Marie-Stéphanie Fradette, Sandrinne Bourque, Caetano C. Dorea, Alexander I. Culley, Manuel J. Rodriguez et Steve J. Charette

*Cryptosporidium* et *Giardia* sont des protozoaires parasites, pouvant causer des infections gastro-intestinales chez un large éventail d'hôtes potentiels. Ces parasites se distinguent de la plupart des micro-organismes par leur capacité à former des structures de dissémination, appelés kystes, aux parois rigides pour survivre aux conditions hostiles de l'environnement. Ces kystes sont excrétés par la matière fécale et peuvent se répandre de plusieurs façons, comme par le biais d'étendues d'eau de surface. Ces parasites représentent également un enjeu de taille au niveau du traitement de l'eau destinée à la consommation. Il est primordial d'effectuer une surveillance vigilante de la contamination des sources d'eau par ces parasites et d'identifier les principales activités susceptibles de relarguer des kystes en périphérie de ces cours d'eau. Le projet mené par notre équipe de recherche vise à documenter la variation de *Cryptosporidium* et de *Giardia* dans l'eau alimentant trois usines de production d'eau potable du Québec sur une durée d'un an. Pour ce faire, des prélèvements mensuels sont faits et ces échantillons sont analysés par la méthode 1623.1 de l'U.S. Environmental Protection Agency pour quantifier l'abondance de ces parasites. En documentant le nombre de ces parasites de cette façon et compte tenu des caractéristiques différentes de ces trois bassins versants, il nous sera possible de cibler des moments de l'année où chaque source d'eau est plus vulnérable. Les informations collectées par ce projet permettront entre autres aux opérateurs des usines de traitement de l'eau de prendre des décisions éclairées pour contrôler la transmission de ces parasites.

## **Contribution of paralogous interference to the evolution of duplicated genes and the fitness landscape of protein complexes**

Florian Mattenberger, Isabelle Gagnon-Arsenault, Angel F. Cisneros, Christian R. Landry

Gene duplication is of great importance for evolution, serving as one of the main sources of new genetic material and new biological functions. Many important biological milestones have been associated with gene duplication, including the radiation of flowering plants and the development of large morphological changes in animals. A number of constraints, however, exist against gene duplication, such as imbalance in gene dosage or a change in stoichiometry, which results in high fitness costs and often results in the return of duplicates to a single copy. Even though gene duplication can have negative effects, the typical genome contains up to 60% duplicated genes. Hence, identifying all the factors influencing the evolution and maintenance of duplicated genes is still a challenge and has become of great interest in evolutionary biology. Recently it has been suggested that paralogous interference, defined as the physical and functional link between the two copies after duplication, could be one of the major determinants in the retention and the evolution of the duplicated proteins. By using deep mutation scanning, we aim to assess the mutational fitness landscape of a small homotetrameric protein, the plasmid-encoded DfrB1, responsible for antibiotic resistance in *Escherichia coli*. We aim to compare the mutational fitness landscapes of DfrB1 in two possible scenarios: a single copy of DfrB1 and a duplication of DfrB1. By this, we intend to gain insight into how paralogous interference contributes to the evolution of protein complexes after duplication, and test how determinant paralogous interference is for the evolutionary fate of duplicated genes.

# Présentations éclair (3/4)

## Functional impact of mutations in Erg11 on resistance to azole antifungals

Camille Bédard, Jonathan Boisvert, Isabelle Gagnon-Arsenault and Christian R. Landry

Pathogenic fungi can be devastating organisms and have significant socio-economic consequences. Indeed, several human diseases and many agricultural losses are caused by pathogenic fungi. Antifungals are one of the few solutions for controlling them. Azoles are the most used antifungal class, both in the medical sector and in agriculture. However, resistance to these antifungals has become a major global problem. Amino acid substitutions in the drug target (Erg11p) are a common azole-resistance mechanism in *Candida*, but our knowledge on which amino acid substitutions confer resistance to which azoles is limited because they have not been systematically investigated. Due to this lack of systematic investigation, we do not know how many potential resistance mutations there are and if missense mutations conferring azole resistance are the same among species.

We are systematically assessing the effect of thousands of single amino acid variants (SAVs) on Erg11 through deep mutational scanning (DMS). This will allow us to link the genotype of variants to their resistance phenotypes and, thus, to know the functional impact of all missense mutations in the binding pocket of the enzyme.

We are studying the same set of mutations in two species: the model yeast and non-pathogenic *Saccharomyces cerevisiae* and one fungal pathogen, *Candida albicans*. This study will help extend our knowledge on the effect of amino acid substitutions on azole susceptibility and will provide a comprehensive description of resistance mutations that can be used in the future to interpret DNA sequence variation at the ERG11 locus in clinical isolates and potentially help develop drugs that can overcome the most common resistance mutations.

## L'adaptation au climat vue par l'analyse rétrospective des cernes annuels chez les espèces-sœurs : épinette noire et rouge

Edouard Reed-Métayer, Claire Depardieu, Martin Perron, Patrick Lenz, Jean Bousquet

Les changements climatiques actuels engendrent une augmentation rapide de la fréquence et de l'intensité d'événements climatiques extrêmes. Dans ce contexte, il est urgent d'évaluer la sensibilité, les réponses d'acclimatation et d'adaptation des forêts canadiennes au changement climatique pour pouvoir formuler des stratégies d'adaptation à ces changements. Les épinettes noire et rouge (*Picea mariana* et *Picea rubens*) sont deux espèces d'importance commerciale au Canada, très proches phylogénétiquement et pouvant s'hybrider naturellement, mais présentant différentes préférences écologiques. L'objectif de cette étude était de quantifier et comparer la sensibilité au climat de ces deux espèces, et d'évaluer la variabilité génétique présente au sein de chaque espèce. Nous avons analysé les relations entre le climat, l'accroissement radial et la densité du bois par analyse rétrospective des cernes annuels afin d'estimer la sensibilité au climat de 11 familles d'un test de descendance interspécifiques de 22 ans situé dans le sud du Québec. Nos résultats montrent que les deux paramètres du bois réagissent différemment chez les deux espèces étudiées en lien avec les sécheresses de fin d'été et les derniers gels printaniers. L'étude future des hybrides interspécifiques permettra d'évaluer les avantages potentiels de l'hybridation pour l'adaptation et la persistance de ces deux espèces dans les conditions climatiques futures.

# Présentations éclair (4/4)

## **Deciphering the role of the clubroot pathogen effectors in plant immunity**

Marina Silvestre Vañó, Melaine González García, Muhammad Asim Javed and Edel Pérez López

*Plasmodiophora brassicae* is the causal agent of clubroot, a devastating disease infecting roots of plants in the Brassicaceae family and responsible for 10–15% yield reduction on a global scale. Recently, research has focused on understanding the clubroot resistance mechanism on the molecular level through omic approaches. These studies have been able to identify several subsets of putative effectors used by the pathogen to interfere with plant immunity and promote host colonization. Unfortunately, the molecular mechanism driving this process remains unknown. In this study we performed a systematic approach to unveil the strategies that might be deployed by the pathogen in order to overcome plant immunity. This would allow us to identify clubroot pathogen susceptibility factors that could have been targeted by *Arabidopsis* during the development of resistance.

## **Applying Deep Learning (Transformers) for high-quality variant calling refinement**

Omar Abdelwahab, Davoud Torkamaneh

Accurate classification of variants has been essential for genomic analysis in detecting mutations. Variant calling refinement was performed by long time-consuming procedures such as manual review, which is non-productible and hard to standardize. This project proposes using deep learning techniques (TRANSFORMERS) to create a pre-trained automated and reproducible model. A model will be developed and tested using 41k variants from a previous study to classify variants with high efficacy into three different categories (i.e. Pass, Ambiguous, or Failed). To adapt for broader usage, the model will be tested on different species (i.e. soybean, barley, and potato) to cover different ploidy levels and genome sizes. Ideally, this model will be capable of replacing the old manual refinement techniques, while being integrated into other variant callers like Fast-GBS. This project will bring in a new understanding of how to classify genetic variants and will be of interest to a wide range of users in different disciplines.

# Affiches session 1

#	Nom/Name	Titre / Title
1	Loïc Gingras	Influence d'un antibiotique dans le lisier porcin sur la mouche soldat noire ( <i>Hermetia illucens</i> ): bioconversion et microbiote
3	David Bradley	Exploring the role of differential substrate quality on the phosphorylation of kinase targets
5	Gourav Saha	A comparative study of HRR25 protein kinase and its divergence in yeast and human
7	Alicia Pageau	Structural properties of de novo genes and their fitness impact in budding yeast
9	Emilie Alexander	How does epistasis influence antifungal resistance? Using Deep Mutational Scanning to evaluate antifungal resistance across different fungal pathogen protein orthologs
11	Jonathan Boisvert	Étude de l'évolution de la résistance croisée aux azoles chez <i>Candida glabrata</i>
13	Sandrinne Bourque	Caractérisation des microorganismes co-purifiés par la séparation immunomagnétique servant à concentrer deux types de parasites : <i>Cryptosporidium</i> et <i>Giardia</i>
15	Charles-Antoine Alain	Le phage ASP1: Une solution potentielle contre les <i>Aeromonas salmonicida</i> sous-espèce <i>salmonicida</i> mésophiles?
17	Anne-Sophie Brochu	L'inoculation des bactéries phytopathogènes de la tomate : Une étape à perfectionner
19	Kim Fournier	Two new variants in the pRAS3 family conferring resistance to tetracycline in <i>Aeromonas salmonicida</i> subsp. <i>salmonicida</i> , a salmonid pathogen
21	Laurie Piché	Avian pathogenic <i>Escherichia coli</i> phages as an alternative to antibiotics in poultry farming
23	Nicolas Plante	Développement de connaissances sur la diversité des cicadelles dans la culture de la fraise et sur leur rôle en tant que vecteurs de phytoplasmes.
25	Vincent Gélinas	Characterisation of <i>Flavobacterium</i> sp. strains in fish farms in Québec
27	Marie-Christine Landry	Diversity and distribution of ostracods in a high-use ecosystem, Bay of Sept-Iles
29	Maude Paquet	Caractérisation du phage BM1 ciblant l'agent pathogène <i>Aeromonas salmonicida</i> ssp. <i>salmonicida</i>
31	Camille Bédard	Functional impact of mutations in Erg11 on resistance to azole antifungals
33	Chloé Berger	Experimental study of the ecology of environmental DNA (eDNA) and RNA (eRNA) in aquatic environment
35	Éléonore Lemieux	Investigation bio-informatique des bactériophages en métagénomique
37	Mohsen Niazian	In root gene functional analysis of soybean using CRISPR/Cas9-Agrobacterium rhizogenes system
39	Priyanka Gupta	The protection of wheat across the America for abiotic stresses under climate change
41	Samuel Plante	Exit of spore dormancy transforms the yeast cytoplasm and the solubility of its proteome
43	Mariève Dallaire-Lamontagne	Optimisation d'un processus de surcyclage des résidus de couvoir par les larves de mouches soldats noires
45	Olivier Crépault	Flagelles chez <i>Pycnococcus provasolii</i> : une véritable possibilité
47	Karel Cadoret	The viral diversity of cryoconite holes on the Ward Hunt Ice Rise

## Affiches session 2

#	Nom/Name	Titre / Title
2	Pierre-Étienne Marcoux	A Genetic Determinant Involved in the Stress-Induced Genomic Instability of Type Three Secretion System in <i>Aeromonas salmonicida</i> subsp. <i>salmonicida</i>
4	Brunhel Vambi	Systèmes agroforestiers de production d'ignames ( <i>Dioscorea alata</i> et <i>Dioscorea cayenensis</i> ) pour l'amélioration de la sécurité alimentaire et des conditions nutritionnelles des ménages au Mayombe et au Plateau de Batéké en République Démocratique du Congo
6	Danrong Ye	Protein-protein interactions between ChuS and ChuX proteins of <i>Escherichia coli</i> O157:H7
8	Angel Fernando Cisneros Caballero	Expression level shapes the mutational fitness landscape of a protein
10	Philippe Hénault	Génomique des populations de grand corégone ( <i>Coregonus clupeaformis</i> ) dans deux grands lacs nordiques pour une meilleure compréhension de l'évolution de cette espèce et une meilleure gestion des pêches autochtones nordiques
12	Adrian Monthony	Une exploration computationnelle de la biosynthèse et signalisation de l'éthylène chez <i>Cannabis sativa</i>
14	Carla Bautista	Le paysage génomique de l'hybridation sous instabilité génomique accrue
16	Nava Hosseini	BM1, a new phage with the capacity of bypassing prophage 3 resistance effect observed for other phages
18	Xavier Monger	Effect of antibiotic and probiotic treatment on the pig gut microbiome and its antibiotic resistance gene content
20	Melaine González García	Search for resistance genes against <i>Plasmodiophora brassicae</i> in the model plant <i>Arabidopsis thaliana</i>
22	Soham Dibyachintan	Epistasis dictates the binding evolvability of protein domains following gene duplication
24	Francois D. Rouleau	DHFRs and antifolates: How epistasis and genetic background shape proteins evolution towards resistance
26	Raphaël Bouchard	Towards a sustainable management of traditional fisheries of Cree communities of James Bay
28	Alexandre Carbonneau	Génomique des populations de saumon atlantique ( <i>Salmo salar</i> ) de l'Ungava et incidence pour la gestion des pêches de subsistance
30	David Jordan	Exploration of the Fitness Function of an SH3 Domain and its Target Motif
32	Xavier Dallaire	Détection de loci dupliqués dans un génome de salmonidé à l'aide de données génomiques de basse couverture
34	Alicia Durocher	Étude de la dispersion de résistances aux antibiotiques par les bioaérosols chez la bactérie <i>Aeromonas salmonicida</i> dans le contexte aquacole
36	Sann Delaive	Le maintien de la diversité génétique chez l'épinoche à trois épines : Plonger au-delà des mécanismes connus
38	Gabriel Byatt	Optimizing conditions for colonization of the gut of axenic and conventional zebrafish larvae
40	Gunjan Gupta	'Micro'politics against yeast: Patterns of antifungal and ecological interactions
42	Ming Sun	Towards the molecular understanding of glycopeptide antibiotics halogenases
44	Muhammad Asim Javed	Structural genomics uncover effector families in the secretome of the clubroot pathogen
46	Neha Joshi	Benthic Foraminifera as potential bioindicators of pollution



## Logo de la journée étudiante de l'IBIS

Le comité étudiant de l'IBIS tient à remercier Loïc Soumilla du laboratoire de Ilga Porth pour la conception du logo de la journée de l'IBIS. Le logo a été sélectionné l'an dernier dans le contexte d'un concours de logo. Il nous a généreusement permis de réutiliser ce logo pour les éditions subséquentes.



## Kiosques de commanditaires

Cette année, 5 kiosques d'exposants seront présents à la journée étudiante de l'IBIS. Les commanditaires de palier platine MGI, Génome Québec, ThermoFisher et le Centre des Congrès de Québec seront présent. Également, les commanditaires de palier argent Eppendorf et VWR se partageront un kiosque. Vous êtes encouragés à discuter avec les représentants de ces commanditaires lors des pauses café, des sessions d'affiches et du dîner.

## Comité étudiant

Cette année, le comité étudiant est composé de :

- Simon Aubé (Co-représentant) – Laboratoire Landry
- David Jordan (Co-représentant) – Laboratoire Landry
- Camille Bédard – Laboratoire Landry
- Justin Boissinot – Laboratoire Torkamaneh
- Claire Depardieu – Laboratoire Bousquet
- Adriel Sierra – Laboratoire Villarreal

Si vous souhaitez faire partie du comité étudiant et aider à planifier la prochaine édition de la journée étudiante de l'IBIS, c'est possible! Écrivez à [david.jordan.2@ulaval.ca](mailto:david.jordan.2@ulaval.ca) ou [simon.aube.2@ulaval.ca](mailto:simon.aube.2@ulaval.ca) pour plus d'information. Votre implication peut être aussi grande ou petite que vous la souhaitez. Nous sommes ouverts aux suggestions pour améliorer la journée étudiante, ou pour tenir d'autres événements.