

JOURNÉE ÉTUDIANTE DE L'IBIS

SALLE HYDRO-QUÉBEC
28 AOÛT 2026



PROGRAMME

AEIÉS
Association des étudiantes et des étudiants
de Laval inscrits aux études supérieures

CFN Centre d'études nordiques
Centre for Northern Studies



GOLDBIO



Natural Resources Canada / Ressources naturelles Canada

Canada

Element Biosciences



**coopzone
eppendorf**



PROTEO
CENTRE DE RECHERCHE PROTÉINES



Québec Océan



ACCÉBUL



Société Provancher

Bureau de la
vie étudiante



BIENVENUE À LA 16ÈME ÉDITION DE LA JOURNÉE ÉTUDIANTE DE L'IBIS!

Nous sommes ravis de vous accueillir à la 16ème édition de la Journée étudiante de l'IBIS! Célébrons ensemble la recherche qui se fait ici par le biais de 21 présentations orales, de 40 affiches scientifiques et d'une superbe conférence d'honneur donnée par Sébastien Faucher. Profitez de cette journée pour découvrir de nouveaux projets, mettre en pratique vos habiletés de communication et passer une belle journée avec vos collègues !



Présentation

Les présentations auront lieu en personne dans la salle Hydro-Québec (CHM-1210)

NOS COMMANDITAIRES

PLATINE / PLATINUM

eppendorf

 Element
Biosciences

 **ELIÉS**
Association des étudiantes et des étudiants
de Laval inscrits aux études supérieures

 Société
Provancher

GOLDBIO®

OR / GOLD

Québec
Océan



AEGSEG
ASSOCIATION DES ÉTUDIANT·E·S
GRADUÉ·E·S EN SCIENCES ET GENIE
UNIVERSITÉ LAVAL

Bureau de la
vie étudiante

 UNIVERSITÉ
LAVAL

ARGENT / SILVER

 Faculté des
sciences et de
génie

 Centre d'études nordiques
Centre for Northern Studies

 **PROTEO**
CENTRE DE RECHERCHE PROTÉINES

Ressources
Aquatiques
Québec
raq.uqar.ca

 CRIPA
Université
de Montréal

Service du
développement
professionnel

 ACEBMUL

A CCE M

 CRI

ACCÉBUL

 Département
de biologie

 AESGUL

BRONZE

coopzone

 Natural Resources Canada
Ressources naturelles Canada

Canada

8:00	Enregistrement / Registration	
8:30	Mot d'ouverture / Opening word	
8:35	Présentations avec résultats 1/ Presentation with results 1 12 minutes par présentation 3 minutes de question	Mathieu Giguère - Antifungal resistance prediction using targeted sequencing Philippe Dubé - Dynamique & non-disjonction des chromosomes sexuels en présence d'aberrations chromosomiques Ariane Barrot - Le génome des bactéries associées aux cicadelles révèle la présence d'agents de biocontrôle potentiels Bastien Rubin - Structure génétique à fine échelle et introgression Atlantique chez l'omble de chevalier anadrome (<i>Salvelinus alpinus</i>) à travers une zone de contact dans la région de Kivalliq au Nunavut Thomas Vinatier - Vers une compréhension de la chronoécologie des cicadelles grâce à l'aide de l'intelligence artificielle et de pièges automatisés
9:50	Pause café / Coffee break	
10:10	Présentations de projet/ Project presentation 7 minutes par présentation 3 minutes de question	Olivier Vermette - Identification et modélisation des interactions protéine-ARN avec lncRNA provenant de la séquence satellite (AAACTAC)_n dans l'ovaire de <i>Drosophila virilis</i> Ahmed Ben Hassine - Understanding and evaluating strategies for controlling leafhoppers using both synthetic insecticides and biopesticides Ariane Lemieux-Després - Dégrader des spores de <i>Plasmodiophora brassicae</i>, c'est du sport! Bruno Arcand - Conception rationnelle de rhamnolipides sur mesure et validation d'une méthode analytique novatrice María del Mar Varela Vasquez - Identification and characterization of dominant-negative mutations in the FUR1 gene
11:00	Session d'affiche 1 / Poster session 1	
12:00	Dîner / Lunch	
13:00	Conférence d'honneur / Keynote speaker	Présentation de Sébastien Faucher

14:00	Présentations éclaires/ Flash talks 5 minutes par présentation sans question	José Luis Valdez López - Understanding clubroot disease using single-nucleus and spatial transcriptomics
		Marcos Calcaterra - Clubroot kinase effectors in manipulation of host development and immunity
		Lia Normand - Caractérisation biochimique de mécanismes de défense chez <i>Streptococcus thermophilus</i>
		Christophe Dussault - Conformational dynamics of the SARS-CoV-2 RBD as a driver of immune evasion
14:20	Session d'affiche 2/ Poster session 2	Pause café pendant la session / Coffee break during the session
15:20	Présentations avec résultats 2/ Presentation with results 2 12 minutes par présentation 3 minutes de question	Christina Rossignol-Garon - Au-delà de CRISPR-Cas : découverte de nouveaux systèmes de défense contre les phages chez <i>Streptococcus thermophilus</i>
		Laurana Germain - Effets phénotypiques d'une augmentation de la taille des introns
		Soham Dibyachintan - Fitness trade-offs favour moderate affinities in the evolution of cellular signalling
		Léa Lebert - Détection précoce de la graphiose de l'orme par utilisation de composés organiques volatils (COVs)
		Juliette Bourgeois - Des cernes de croissance à l'ADN : sur la résilience de l'épinette rouge face aux anomalies climatiques
		Oussama Yahmi - Vers l'ingénierie de communautés microbiennes synthétiques suppressives de la hernie des crucifères pour le canola
17:00	Soirée réseautage / Networking event	
17:30	Remise des prix / Award ceremony	

Conférencier d'honneur

PR Sébastien Faucher

Professeur agrégé et Vice-doyen à la recherche,
Faculté des sciences de l'agriculture et de
l'environnement

<https://www.mcgill.ca/nrs/faucher-sebastien-p>



McGill
UNIVERSITY

Sébastien est un microbiologiste spécialisé dans l'étude de la croissance et de la persistance des agents pathogènes au sein des infrastructures hydriques. Ses recherches visent à comprendre (1) l'évolution et l'écologie des pathogènes aquatiques soumis à des stress environnementaux et aux désinfectants, (2) la dynamique des microbiomes complexes dans les réseaux d'eau et (3) le développement de stratégies de biocontrôle et de surveillance innovantes, notamment par l'utilisation de bactériophages et d'approches de sciences citoyennes.



Sébastien a obtenu son doctorat en microbiologie et immunologie à l'Université de Montréal, où il a identifié des gènes de virulence chez *Salmonella typhi*. Il a complété un stage postdoctoral à l'Université Columbia de New York sur *Legionella pneumophila*, avant de poursuivre ses recherches sur les déterminants génétiques de la malaria cérébrale à l'Université McGill. Depuis 2011, il dirige un programme de recherche à l'Université McGill axé sur la génétique et l'écologie microbienne pour améliorer la sécurité sanitaire de l'eau.

Domaines d'étude

Eau

Pathogènes

Génétique

Génomique

Microbiome

Infection

Surveillance

Écologie Microbienne

Keynote Speaker

PR Sébastien Faucher

Associate Professor and Associate Dean (Research),
Faculty of Agricultural and Environmental Sciences,
Natural Resource Sciences

<https://www.mcgill.ca/nrs/faucher-sebastien-p>



McGill
UNIVERSITY

Sébastien is a microbiologist focused on the mechanisms of growth and survival of water-borne pathogens within engineered water systems. His research explores (1) the genetic evolution of aquatic pathogens under environmental stress, (2) the microbial ecology of complex water infrastructures and their interactions with pathogens, and (3) the development of sustainable biocontrol strategies and novel surveillance methods using metagenomics and citizen science.



Sébastien earned his PhD in Microbiology and Immunology from the Université de Montréal, focusing on virulence genes in *Salmonella typhi*. He pursued postdoctoral training at Columbia University, specializing in *Legionella pneumophila*, followed by a fellowship at McGill University studying the genetics of cerebral malaria. Since joining McGill in 2011, his team has utilized adaptive laboratory experiments and metagenomics to better understand and control pathogens in human-made aquatic environments.

Area of Study

Water

Pathogens

Genetics

Genomics

Microbiome

Infection

Monitoring

Microbial Ecology

PRÉSENTATIONS ÉCLAIRES / FLASH TALK

Understanding clubroot disease using single-nucleus and spatial transcriptomics

José Luis Valdez López, M. Gonzalez Garcia, E. I. Fantino, S. Mukhopadhyay, B. Guillotin, E. Pérez-López

Clubroot disease, caused by *Plasmodiophora brassicae*, is a major threat to global Brassica production. Emerging pathogen isolates have rapidly overcome existing resistance, creating an urgent need to resolve host-pathogen interactions at single-cell resolution. In this project, we aim to characterize cellular heterogeneity and cell-type-specific transcriptional responses during clubroot infection in *Arabidopsis thaliana* roots using single-nucleus and spatial transcriptomics.

We profiled resistant (Tsu-0) and susceptible (Col-0) ecotypes infected with the single-spore isolate Pb3A across multiple time points. Single-nucleus RNA sequencing was performed on isolated root nuclei, followed by computational analyses including quality control, species de-multiplexing, sample integration, dimensionality reduction, clustering, cell-type annotation, differential gene expression analysis, gene regulatory network inference, and spatial projection using Multiplexed Error-Robust Fluorescence In Situ Hybridization (MERFISH).

To our knowledge, this work represents the first single-cell and spatial transcriptomics characterization of clubroot infection. We identified distinct root cell populations and their infection-associated responses, *P. brassicae*-induced cellular reprogramming, putative susceptibility targets, and cellular mechanisms that may contribute to pathogen virulence. These findings provide a framework for developing more durable clubroot resistance strategies and support sustainable Brassica production.

Clubroot kinase effectors in manipulation of host development and immunity

Marcos Calcaterra, Marina Silvestre Vaño, Alyson Deslongchamps, Elisa Fantino, Ian Major, Edel Pérez Lopez

Plasmodiophora brassicae is a biotrophic pathogen and causal agent of clubroot disease, a major threat to the production of cruciferous crops in Canada and worldwide. The disease causes annual yield of 20-30%, resulting in substantial economic impacts. In recent years, breakthroughs have been made in understanding the pathogen's life cycle and effector repertoire, including the publication of the first telomere-to-telomere *P. brassicae* genomes. However, the role of *P. brassicae* effectors in modulating host physiology and immunity remains poorly understood. Recent findings from our group revealed that kinases and kinase-like proteins are among the most highly expressed candidate effectors during secondary infection, a critical stage in gall development. Based on these findings, we selected 11 putative kinase effectors. In this study, we will characterize these candidates using complementary approaches. To start we have generated *Arabidopsis thaliana* overexpressing lines for all candidates to evaluate their potential function and impact on the susceptibility or resistance to clubroot disease. In parallel, we have also heterologously expressed these proteins in *Escherichia coli* to assess their *in vitro* kinase activity, out of which to date 7 have been successfully expressed. Additionally, we have determined the subcellular localization of 5 of the 11 kinases using *Agrobacterium tumefaciens* mediated transient expression in *Nicotiana benthamiana*. Finally, we will analyse alterations in phosphorylation networks associated with effector overexpression, in the phosphoproteome of *A. thaliana* overexpression lines. Together, these approaches aim to provide new insights into how *P. brassicae* kinase effectors modulate host signaling pathways and contribute to disease development.

Caractérisation biochimique de mécanismes de défense chez *Streptococcus thermophilus*

Lia Normand, Zacharie Morneau, Audrey Leprince, Justine Lefrançois, Geneviève Rousseau, Sylvain Moineau

Streptococcus thermophilus est une bactérie lactique utilisée dans l'industrie laitière pour la transformation du lait en fromage et en yogourt. Les bactériophages (phages), des virus infectant les bactéries, sont les entités biologiques les plus abondantes sur Terre, leur présence étant directement liée à la présence de bactéries. Dans le contexte de l'industrie laitière, les phages représentent un risque significatif pour le processus de fermentation de lait. Les phages peuvent entraîner la lyse des ferments lactiques ajoutés au lait, ralentissant ainsi la fermentation et compromettant la qualité du produit final. La résistance aux phages est donc un grand atout pour les souches bactériennes utilisées pour la fermentation. Cependant, certains phages ont évolué et ont développé des protéines d'anti-défense capables d'inhiber l'activité des principaux systèmes de défense présents chez *S. thermophilus*. La combinaison de plusieurs mécanismes de défense connus dans une même souche bactérienne permet une défense plus robuste contre les phages, sans nuire à l'acidification du lait. Ainsi, le développement de nouvelles souches industrielles résistantes aux phages justifie l'étude de nouveaux mécanismes de défense. Quinze nouveaux mécanismes de défense ont été identifiés, la caractérisation biochimique des protéines de défense constitue le sujet principal de ce projet de maîtrise. Il vise à purifier de manière soluble les protéines codées par ces nouveaux mécanismes dans *Escherichia coli* via le système pET28a. Pour guider la caractérisation, ces protéines sont le sujet de tests de stabilité sans et avec des ligands, de tests d'interactions protéine-protéine et d'analyses bio-informatiques de domaines fonctionnels.

Conformational dynamics of the SARS-CoV-2 RBD as a driver of immune evasion

Christophe Dussault, Sophie Gobeil

SARS-CoV-2, the virus responsible for COVID-19, infects host cells by exploiting its Spike (S) protein, whose receptor-binding domain (RBD) binds to the angiotensin-converting enzyme 2 (ACE2) on the host-cell surface. Owing to its accessibility, the RBD is a major target for neutralizing antibodies (Abs) elicited by infection or vaccination. During the COVID-19 pandemic, many mutations in the S protein have emerged. These resulted in reduced binding affinity of Abs and nanobodies (Nbs) to the S protein, thus promoting immune evasion. In this work, we investigate how mutations within the RBD induce local alterations in conformational dynamics and how these changes affect Nbs binding. Because of their small size and high specificity, Nbs are well suited for nuclear magnetic resonance (NMR) studies. We therefore established an *Escherichia coli* expression system for the production of ¹⁵N-labelled Nbs. Using NMR spectroscopy, we probed the Nbs flexibility upon binding to the RBD and assessed how mutations reshaped binding-coupled dynamics. Altogether, this project provides insights into how mutations modulate protein dynamics to drive immune evasion and will inform the rational design of next-generation Nbs.

PRÉSENTATIONS DE PROJET / PROJECT PRESENTATIONS

Identification et modélisation des interactions protéine-ARN avec un lncRNA provenant de la séquence satellite (AACTAC)_n dans l'ovaire de *Drosophila virilis*

Olivier Vermette, Jullien Flynn

Les ADN répétitifs sont la matière noire de la biologie. En effet, ils constituent, dans la majorité des cas, plus de 50 % du génome des eucaryotes sans qu'aucune fonction biologique claire ne leur soit encore attribuée. Toutefois, des pistes émergent, notamment chez les ADN satellites. En effet, cette classe d'ADN répétitif est reconnue pour avoir une transcription en ARN non codant chez divers organismes, dont *Drosophila virilis*, une espèce de mouche à fruit. Logiquement, celle-ci porte une séquence satellitaire, soit (AACTAC)_n, transcrite en ARN long non codant (lncARN) durant le développement de l'ovocyte, c'est-à-dire l'ovule. Cependant, leurs partenaires protéiques demeurent inconnus à ce jour, alors que leur identification pourrait nous aider à mieux comprendre les fonctions potentielles de l'ADN satellite. Mon projet s'articule donc autour de l'étude *in silico* et *in vivo* des interactions entre les protéines exprimées lors de l'ovogenèse et les lncARN. Pour ce faire, une quantification des probabilités d'interaction entre les protéines exprimées durant l'ovogenèse et les lncARN sera réalisée. De plus, une modélisation des interactions significative sera réalisée grâce à des outils d'apprentissage profond. Puis, une extraction des protéines en interaction avec les lncARN sera effectuée afin de soutenir et d'affiner les modélisations. Finalement, une comparaison avec d'autres espèces de drosophiles portant le satellite à l'étude sera réalisée afin d'observer la conservation évolutive de ces interactions ARN-protéines. En somme, ce projet permettra de mettre en lumière la fonction de ces séquences chez la drosophile, voire chez d'autres organismes.

Understanding and evaluating strategies for controlling leafhoppers using both synthetic insecticides and biopesticides.

Ahmed Ben Hassine, Nicolas Plante, Abraão Almeida Santos, Valérie Fournier, Edel Pérez-López

The potato leafhopper (PLH), *Empoasca fabae* (Harris) (Hemiptera: Cicadellidae), is a migratory species native to North America. This species is of significant economic importance to vegetable and small fruit crops. Current management strategies rely heavily on synthetic insecticides, raising concerns about the evolution of insecticide resistance. Although insecticide resistance has been extensively studied in several leafhopper and planthopper species, little is known about the susceptibility and resistance status of PLH populations in Eastern Canada or elsewhere. This study aims to characterize insecticide susceptibility in Québec populations, examine the evolution and molecular basis of resistance, and evaluate biological alternatives for sustainable management. Commercial entomopathogenic fungi have been evaluated against PLH adults using the IRAC leaf-dip bioassay. Exposure of adults to the biopesticides resulted in increased mortality, particularly at higher concentrations. After 168 hours post-exposure, the *Metarhizium brunneum*-based product LALGUARD® M52 OD achieved the highest mortality rate (77.5%), followed by the *Beauveria bassiana*-based products BIO CERES® G EC (67.5%) and BOTANIGARD® ES (60%). In parallel, the baseline susceptibility of a laboratory reference colony was established for three insecticides representing [EPL1.1]the neonicotinoid and pyrethroid groups. Concentration-mortality bioassays showed LC₅₀ values of 0.102, 0.934, and 0.211 µg a.i./mL for thiamethoxam, imidacloprid, and lambda-cyhalothrin, respectively. [EPL2.1]These baseline values are comparable to those reported in susceptibility studies of other leafhoppers, including the corn leafhopper, *Dalbulus maidis*, and the brown planthopper, *Nilaparvata lugens*. Together, these efforts will provide the first evaluation of insecticide susceptibility and resistance in PLH and support the development of sustainable integrated pest management strategies.

Dégrader des spores de *Plasmodiophora brassicae*, c'est du sport!

Ariane Lemieux-Després, Oussama Yahmi, Pascal Grondin, Laurence Bélanger, Jean-Baptiste Leducq

Le canola (*Brassica napus*), une culture majeure au Canada, est menacé par *Plasmodiophora brassicae*, l'agent causal de la hernie des Crucifères, malgré l'utilisation de cultivars résistants. *P. brassicae* peut produire des spores pouvant rester plus de 20 ans en dormance dans le sol, notamment grâce à une paroi chitineuse protectrice, résistant ainsi aux méthodes traditionnelles de biocontrôle. Une approche complémentaire prometteuse est l'exploitation du microbiome du canola pour ses potentiels d'antagonisme du pathogène et de promotion de la croissance de la plante. Notre hypothèse est que des bactéries chitinolytiques seraient capables de dégrader la paroi des spores de repos. Ce projet vise donc à identifier et caractériser des microorganismes potentiellement impliqués dans la résistance de *B. napus* à *P. brassicae*, avec emphase sur les bactéries chitinolytiques. À partir d'une collection de 250 souches isolées dans notre laboratoire sur des plants de canola, nous avons testé 81 bactéries pour leur capacité à dégrader la chitine colloïdale d'un milieu agar-chitine, menant à la sélection de huit souches des genres *Enterobacter*, *Stenotrophomonas* et *Agrobacterium* dégradant ce polysaccharide. La co-incubation in vitro des spores avec ces bactéries, pendant 5 jours, a entraîné une réduction significative de la viabilité des spores, démontrant la capacité des bactéries chitinolytiques à dégrader les parois des spores. La suite du projet sera de co-inoculer des plants de canola en serre afin d'observer si les symptômes de la maladie diminuent et d'intégrer éventuellement les isolats prometteurs dans une communauté synthétique microbienne qui servira d'agent de biocontrôle contre *P. brassicae*.

Conception rationnelle de rhamnolipides sur mesure et validation d'une méthode analytique novatrice

Bruno Arcand, Julie Fréchette, Éric Bharucha, Younès Messaddeq, Ahmad M. Abdel-Mawgoud

Les rhamnolipides (RL) sont des glycolipides (GL) amphiphiles hautement biodégradables et peu toxiques, avec des applications en alimentation, agriculture, cosmétique et médecine. Leurs activités varient selon leur structure, notamment la longueur des chaînes d'acides gras, la nature et le nombre d'unités glycosidiques, caractéristiques encodées par les enzymes biosynthétiques RhlA/B/C/M. Notre laboratoire a identifié 71 nouvelles espèces productrices potentielles, regroupant leurs orthologues RhlA/B/C en 11 clades phylogénétiques dont les RL/GL restent à valider structuralement.

Nous formulons l'hypothèse qu'un modèle prédictif entraîné sur des données génotype-phénotype permettrait d'inférer les structures des RL/GL et leurs activités à partir de descripteurs de séquences d'acides aminés. En fixant les résidus clés identifiés et en redessinant les résidus restants par des algorithmes de conception protéique, il devient possible de construire des opérons rhlABCM synthétiques produisant des RL aux propriétés définies.

Ce projet poursuit cinq sous-objectifs: (1) constituer une base de données génotype-phénotype à partir de onze souches représentatives des clades analysés par GC-MS et LC-MS/MS; (2) entraîner des modèles d'apprentissage automatique prédisant les propriétés structurales des RL; (3) identifier les résidus catalytiques critiques dans RhlABCM via des outils bioinformatiques; (4) reconstruire par biologie de synthèse des opérons rhlABCM et les exprimer; (5) valider, en collaboration avec le Pr. Younès Messaddeq, un instrument de spectrométrie infrarouge à haute résolution pour l'analyse des RL/GL en culture.

Cette étude vise à élucider la diversité fonctionnelle de RhlABCM, établir une plateforme pour la conception de RL sur mesure, et fournir un outil analytique pour la détection rapide de GL.

Identification and characterization of Dominant-Negative mutations in the FUR1 gene

María del Mar Varela Vasquez, Jessica Jann, Alexandre K. Dubé, Romain Durand, Christian R. Landry

Loss-of-function (LOF) mutations are often recessive in diploid organisms because one functional allele is sufficient to maintain protein activity. Dominant-negative mutations are an important exception; in multimeric proteins, mutant subunits can interfere with wild-type subunits and compromise the activity of the entire complex. Although dominant-negative effects have been described in disease associated proteins, there is still a gap in understanding the fraction of LOF mutations that exhibit dominant-negative effects in disease-associated proteins and the molecular features that differentiate them. This project uses the yeast protein Fur1 as a model to identify and characterize dominant-negative LOF mutations. Fur1 is required for the activation of the antifungal prodrug 5-fluorocytosine, converting 5-FC-derived metabolites into toxic compounds that inhibit DNA and protein synthesis. LOF mutations in FUR1 confer resistance to 5-FC. Previous observations showed that some resistant FUR1 alleles remain resistant even after complementation with a wild-type copy, suggesting dominant-negative effect. To understand this mechanism, I used Deep Mutational Scanning to generate and analyze a pooled single-amino-acid substitution library covering all 216 positions of Fur1. Variant frequencies were quantified after growth with or without 5-FC in both *fur1Δ* and wild-type FUR1 backgrounds. The comparison between these genetic backgrounds allowed the distinction between recessive LOF mutations and candidate dominant-negative variants. Structural mapping and bioinformatic analyses were then used to evaluate whether these mutations are associated with protein destabilization, altered subunit assembly, active-site disruption, or impaired tetramer function. Ongoing validation will further test the molecular mechanisms underlying these effects. This work provides a comprehensive functional map of Fur1 mutations and helps clarify the principles underlying dominant-negative effects in multimeric enzymes.

PRÉSENTATIONS LONGUES/LONG PRESENTATIONS

Antifungal Resistance Prediction Using Targeted Sequencing

Mathieu Giguère, Alicia Pageau, Isabelle Gagnon-Arsenault, Jessica Jann, Laboratoire de santé publique du Québec, Christian R. Landry

Human fungal pathogens can resist treatment with antifungals. Mutations in drug-target proteins can lead to treatment failure. In the presence of an antifungal drug, resistant mutants are favored in this selection environment and they proliferate. Currently, antifungal susceptibility testing is a long and complex process. To accelerate this procedure, it has been proposed to sequence the genome of fungal pathogens directly from patient samples. In such a case, targeted sequencing is needed to amplify the fungal DNA from the samples. However, targeting the whole genome of a fungal pathogen is heavy work. Fortunately, we now have access to the FungAMR database which houses more than 35 000 entries of mutations linked to antifungal resistance across 246 genes. This data allows us to target specific genes associated with resistance with a panel of probes. Furthermore, this data opens the way for the design of a computational tool complementary to the wet lab approaches of antifungal susceptibility testing for the prediction of antifungal resistance. We propose FungAMRseer. This computational tool includes a genomic pipeline able to map the reads from targeted sequencing samples to a genome of resistance genes. This way, FungAMRseer identifies both the fungal species and the genetic variants in a sample. The variants identified are compared to the FungAMR database. FungAMRseer uses a collection of supervised machine learning models trained on structural biology data to predict antifungal resistance of unknown variants. In collaboration with the Québec public health laboratories (LSPQ), FungAMRseer is tested with laboratory and clinical samples.

Dynamique & non-disjonction des chromosomes sexuels en présence d'aberrations chromosomiques

Philippe Dubé, Jullien FLYNN

Les non-disjonctions sont un phénomène où les chromosomes se ségrèguent incorrectement durant la méiose et mènent à la formation de gamètes aneuploïdes, pouvant impacter le développement. Ce phénomène peut être le résultat de l'instabilité de l'ADN satellite, un type de séquences répétitives, non-codantes qui peuvent, si en grande quantité, prédisposer à provoquer des changements sur la structure de la chromatine comme des fusions chromosomiques. *Drosophila virilis*, une mouche possédant une grande proportion de ce type d'ADN est un organisme de choix pour étudier ses impacts sur les processus cellulaires. C'est le cas d'une lignée possédant une fusion chromosomique (chromosome sexuel-autosome) ainsi qu'un taux de non-disjonction des chromosomes sexuels très élevé. Le but de ce projet est d'identifier les causes de ce taux élevé de non-disjonction afin de comprendre l'impact des aberrations chromosomique sur les processus méiotiques.

Pour déterminer quelle étape du processus méiotique subit une dysfonction, des testicules seront observés suivant une approche d'ADN FISH (fluorescence in situ hybridation). Il sera alors possible de documenter et d'observer la disposition spatio-temporelle des chromosomes durant les stades développementaux de la prophase I, permettant d'identifier des anomalies durant l'appariement et la ségrégation.

Ensuite, pour identifier quel chromosome est porteur de l'anomalie provoquant les non-disjonctions, des mouches mutantes subiront des croisements pour isoler des chromosomes d'intérêts dans un fond génétique neutres. Des analyses de non-disjonctions suivant une approche d'ADN FISH seront ensuite effectuées afin de déterminer si des non-disjonctions se produisent lors de la présence ou de l'absence de certains chromosomes.

Le génome des bactéries associées aux cicadelles révèle la présence d'agents de biocontrôle potentiels

Ariane Barrot, Joshua Molligan, Edel Pérez-López

En agriculture conventionnelle, les pesticides de synthèse demeurent la principale stratégie de lutte contre les ravageurs. Toutefois, leur utilisation est remise en question en raison de l'augmentation de la résistance aux insecticides et de leurs effets négatifs sur l'environnement. Dans ce contexte, le développement de solutions durables, comme les agents de lutte microbiens (ALM), suscite un intérêt croissant. Les ALM à base de bactéries se démarquent particulièrement en raison de leur efficacité démontrée et de leur présence déjà établie sur le marché canadien.

Au Québec, les cicadelles constituent une menace émergente pour l'agriculture, notamment à cause de leur comportement migratoire et de leur capacité à transmettre des phytopathogènes. Dans cette étude, des cicadelles ont été capturées dans des champs québécois, puis identifiées jusqu'au genre et, lorsque possible sans dissection, jusqu'à l'espèce. Leur ADN a ensuite été extrait afin d'amplifier le gène de l'ARNr 16S, suivi d'un séquençage Sanger. Les séquences obtenues ont été nettoyées puis comparées par BLAST pour en permettre l'identification.

Les séquences nettoyées ont également été comparées entre elles à l'aide d'une base de données locale afin de générer une matrice de similarité, utilisée pour sélectionner des échantillons destinés au séquençage du génome entier. L'ADN de haut poids moléculaire de 12 isolats a ensuite été extrait et séquencé à l'aide des plateformes Oxford Nanopore Technologies et Illumina NovaSeq. Cette approche a permis l'identification définitive des souches ainsi que l'annotation des groupes de gènes biosynthétiques présents dans leurs génomes.

Structure génétique à fine échelle et introgression Atlantique chez l'omble chevalier anadrome (*Salvelinus alpinus*) à travers une zone de contact dans la région de Kivalliq, au Nunavut

Bastien Rubin, Laurie Lecomte, Charles Babin, Eric Normandeau, Connor Faulkner, Amanda Olsen, Lauren Wiens, Les Harris, Xavier Dallaire, Jean-Sébastien Moore

La région de Kivalliq, au Nunavut, s'étend sur une zone de contact entre les lignées atlantique et arctique de l'omble chevalier anadrome (*Salvelinus alpinus*), mais la structure génétique à fine échelle y demeure mal définie.

Nous avons caractérisé la structure génétique et l'introgression atlantique au sein de 13 populations à l'aide d'un séquençage du génome entier à faible couverture (couverture moyenne de 2x, n = 405), appuyé par des populations de référence arctique, et atlantique, ainsi que par un groupe externe de Dolly Varden (*S. malma*).

Pour ce faire, nous avons combiné une analyse en composantes principales, une analyse d'admixture (NGSadmix), le calcul du F_{st} par paire, l'isolement par la distance, les statistiques D et des graphiques en triangle basés sur des SNP diagnostiques.

Les populations de Rankin Inlet forment un groupe homogène et faiblement différencié (F_{st} moyen = 0,026) sans isolement par la distance, tandis que les populations de Nauyasat se révèlent hétérogènes et plus fortement structurées (F_{st} moyen = 0,062).

Toutes les populations présentent des traces d'ascendance atlantique, dont la proportion augmente de Baker Lake vers Rankin Inlet en passant par Nauyasat. Aucun individu ne se positionne comme un hybride de première génération, ce qui indique un mélange historique plutôt que contemporain.

Ces contextes évolutifs contrastés permettent de définir des unités de gestion distinctes au sein de l'unité de conservation régionale, et impliquent des priorités de suivi différentes pour la connectivité, la diversité et l'introgression.

Vers une compréhension de la chronoécologie des cicadelles grâce à l'aide de l'intelligence artificielle et de pièges automatisés.

Thomas Vinatier, Florent Sylvestre, Nicolas Plante, Valérie Fournier, Edel Pérez-López

La région néarctique possède une grande diversité de cicadelles ainsi qu'une hétérogénéité climatique marquée donnant lieu à des schémas écologiques complexes. Cette complexité s'amplifie par le changement climatique qui redéfinit les dynamiques des populations de nombreuses espèces. Ces changements sont difficiles à étudier par les approches de surveillance traditionnelles dont les relevés de populations ne révèlent pas l'activité des insectes à courte échelle temporelle. Or, ces schémas d'activité sont essentiels pour comprendre les réponses des espèces aux conditions environnementales et au changement climatique. Pour répondre à ces limites, nous développons LEAFHSCOPE, un système de surveillance autonome à haute fréquence permettant de détecter et classer des cicadelles automatiquement sur le terrain à partir d'images de pièges collants jaunes.

En 2025, nous avons constitué une base de données d'images de pièges collants jaunes collectées hebdomadairement dans des exploitations agricoles de fraises et de bleuets dans la province du Québec. Ces images ont permis d'entraîner deux modèles d'apprentissage profond capables de détecter plus de 90 % des cicadelles et de les classer avec une performance de 80 %. Simultanément, nous avons développé un prototype de piège autonome équipé d'une caméra, capable d'acquérir automatiquement des données à haute fréquence. Déployée au champ en juin 2026, cette technologie nous permet d'acquérir des données d'activité journalière des cicadelles parallèlement à des données climatiques locales. Les travaux en cours se concentrent sur l'établissement des dynamiques journalières avec les modèles d'apprentissage profond et sur la constitution d'une nouvelle base de données pour développer une seconde version du modèle.

Au-delà de CRISPR-Cas : découverte de nouveaux systèmes de défense contre les phages chez *Streptococcus thermophilus*

Christina Rossignol-Garon, Audrey Leprince et Sylvain Moineau

Streptococcus thermophilus, une bactérie lactique essentielle à la production industrielle de yogourts et de certains fromages, est particulièrement vulnérable aux bactériophages, des virus qui infectent les bactéries. Ceux-ci représentent le principal risque de perturbation des fermentations du lait en industrie et peuvent entraîner une diminution de la qualité des produits laitiers fermentés. Pour contrer cette menace, l'industrie sélectionne notamment des souches naturellement résistantes aux bactériophages grâce au système de défense anti-phage CRISPR-Cas, qui agit comme un bouclier contre les infections. Cependant, certains bactériophages ont réussi à contourner cette protection, notamment en codant des protéines anti-CRISPR. Ce projet vise donc à découvrir et à évaluer de nouveaux systèmes de défense antivirale chez *S. thermophilus*, au-delà de CRISPR-Cas, afin de mieux protéger cette bactérie. L'évaluation de plusieurs systèmes de défense candidats contre une collection de 16 phages, dont certains codent une protéine anti-CRISPR, a permis de mettre en évidence plusieurs nouveaux systèmes prometteurs présentant une forte activité antivirale. À terme, ces découvertes pourraient contribuer au développement de souches industrielles plus robustes, réduire les pertes causées par les infections phagiques et améliorer la stabilité de la production de produits laitiers fermentés.

Effets phénotypiques d'une augmentation de la taille des introns

Laurana Germain, Jullien Flynn

Bien que souvent considéré comme inerte, l'ADN répétitif peut influencer de manière marquée l'expression génique et les traits phénotypiques. Ce projet de maîtrise vise à élucider les effets de l'expansion d'ADN répétitif dans les gènes du chromosome Y chez deux espèces apparentées, *Drosophila americana* et *Drosophila novamexicana*. Le chromosome Y de *D. americana* présente une taille triplée par rapport à celui de *D. novamexicana*, principalement en raison de l'expansion massive du satellite DINE dans ses introns. Pour évaluer les conséquences biologiques de cette divergence, notre approche méthodologique intègre la génétique expérimentale, le phénotypage et la transcriptomique. Nous caractériserons d'abord l'expression des exons et des introns de trois gènes homologues du chromosome Y. Ensuite, la réalisation de croisements interspécifiques introduisant un chromosome Y étranger dans un fond génétique constant permettra d'isoler l'effet de l'augmentation de la taille des introns en comparant la fertilité, la morphologie testiculaire et l'expression génique. De plus, les motifs d'expression spatio-temporels seront documentés par une approche d'HCR FISH. En s'inscrivant dans un cadre évolutif et génomique, cette étude contribuera à documenter l'impact fonctionnel des séquences satellites dans la divergence interspécifique. À terme, ces travaux permettront d'éclairer le rôle sous-estimé des chromosomes sexuels dans l'évolution des traits complexes et dans l'incompatibilité reproductrice.

Fitness trade-offs favour moderate affinities in the evolution of cellular signalling

Soham Dibyachintan, Alexandre K Dubé, Isabelle Gagnon-Arsenault, Pascale Lemieux, Christian R. Landry

Protein-protein interactions are the cornerstone of cellular signalling, yet little is known about the impact of their binding affinities on signalling and, ultimately, organismal fitness. The binding affinities for most of these interactions in nature are in the micromolar range, and a few studies have reported that decreased binding affinity is detrimental to the organism, findings corroborated by comparative genomics. However, the consequences of increasing binding affinity have not been studied and are hard to predict.

In this study, we used a classic adaptor protein in a mitogen-activated protein kinase (MAPK) signalling cascade to investigate the effects of perturbing binding affinity on organismal fitness. We created all single amino acid substitutions in the kinase-binding domain of this adaptor protein to identify the mutations that increased affinity for its cognate targets. Approximately 5-6% of substitutions increased binding affinity, but their frequency in orthologous protein sequences was similar to that of substitutions that decreased binding affinity, suggesting negative selection on both increased and decreased binding. To test this hypothesis, we measured the fitness effects of these mutations across a variety of environments. We found that, while in most environments there is a monotonically increasing relationship between binding affinity and organismal fitness, in a high-temperature environment, organismal fitness peaks at moderate affinities and decreases at either higher or lower affinities. Collectively, these results suggest that natural selection sometimes favours lower or higher affinities in different environments, resulting in optimal moderate affinities in the evolution of cellular signalling to optimize organismal fitness.

Détection précoce de la graphiose de l'orme par utilisation de Composés Organiques Volatiles (COVs)

Léa Lebert, Mathieu Gosselin, Louis Bernier, Ilga Porth

La graphiose de l'orme est une maladie vasculaire ayant tué des dizaines de millions d'ormes en Amérique du Nord. Son diagnostic repose principalement sur l'apparition de symptômes de flétrissement des feuilles, alors que la maladie a déjà pu être transmise à d'autres arbres. Le développement d'une méthode de détection précoce constitue donc un enjeu majeur pour améliorer sa gestion. Dans cette étude, nous avons évalué le potentiel des composés organiques volatils (COVs) émis par les arbres comme biomarqueurs précoces de l'infection. Une expérience en serre a été réalisée à l'aide d'un système actif de collecte des COVs sur des branches intactes de jeunes ormes, pour déterminer le facteur d'émission de chaque composé. Les arbres ont été répartis en trois groupes : un témoin inoculé avec de l'eau stérile, un inoculé avec la souche hautement virulente *Ophiostoma novo-ulmi* H327 et un avec la souche hypovirulente Δ Ste12-3, une souche mutante dérivée de H327. Les COVs ont été échantillonnés le jour de l'inoculation, puis à 7, 14 et 21 jours après inoculation (dpi). Des différences de présence/absence apparaissent à 21 dpi, avec sept composés détectés uniquement chez les arbres inoculés avec H327. Les facteurs d'émission révèlent des changements dès 14 dpi, qui s'intensifient à 21 dpi. Le (Z)-2-hexen-1-yl acetate, le (Z)-3-hexen-1-ol et l'acétaldéhyde semblent constituer des marqueurs d'un stress hydrique. Le benzaldéhyde, l'hexanal et le nonanal semblent quant à eux refléter une réponse spécifique à l'infection fongique. Ces résultats soulignent le potentiel des COVs pour la détection précoce de la graphiose de l'orme.

Des cernes de croissance à l'ADN : sur la résilience de l'épinette rouge face aux anomalies climatiques

Juliette Bourgeois, Claire Depardieu, Simon Nadeau, Sébastien Gérardi, Simon Bockstette, Patrick Lenz, Jean Bousquet

L'épinette rouge (*Picea rubens* Sarg.) est un conifère indigène des forêts tempérées nord-américaines dont le déclin marqué des populations depuis les années 1960 est attribué aux effets combinés du réchauffement climatique, de la pollution atmosphérique et de l'exploitation forestière. La sensibilité reconnue de l'épinette rouge aux conditions climatiques sévères soulève des interrogations quant à sa capacité d'adaptation dans un contexte de changements environnementaux rapides. Le présent projet de recherche vise à évaluer la résilience de l'épinette rouge aux conditions climatiques récentes, en analysant ses réponses physiologiques aux événements météorologiques sévères, ainsi qu'en estimant la variabilité génétique intraspécifique influençant ces réponses, dont le degré d'introgession avec l'épinette noire. Pour ce faire, 1522 épinettes rouges provenant de tests polycross biparentaux établis il y a une trentaine d'années sur 12 sites de jardins communs en Nouvelle-Écosse ont été carottées et génotypées pour plus de 17 000 SNPs issus d'environ 12 000 gènes. Les analyses dendrochronologiques ont permis de corrélérer les caractéristiques des cernes annuels de croissance aux anomalies climatiques détectées sur ces sites, et d'estimer l'héritabilité de traits phénotypiques associés à la résilience. Le génotypage des arbres a également permis d'estimer le niveau d'introgession des individus à l'échelle de leur génome, et d'examiner les relations possibles avec leur résilience aux anomalies climatiques. En fournissant des connaissances nouvelles sur la diversité génétique et les mécanismes d'adaptation de l'épinette rouge aux épisodes climatiques sévères, cette recherche pourra contribuer à l'élaboration de stratégies de gestion durable des forêts d'épinette rouge de l'Est du Canada.

Vers l'ingénierie de communautés microbiennes synthétiques suppressives de la hernie des crucifères pour le canola

Oussama Yahmi, Laurence Bélanger, Muhammad Asim Javed, Edel PÉREZ-LÓPEZ, Jean-baptiste LEDUCQ

La hernie des crucifères, causée par *Plasmodiophora brassicae*, demeure une menace majeure pour le canola, vue l'émergence de pathotypes capables de contourner la résistance variétale. Bien que le microbiome végétal représente une avenue prometteuse pour un contrôle durable, notre compréhension des interactions canola-*P. brassicae*-microbiome demeure superficielle, en raison de l'utilisation majoritaire d'approches de métabarcoding, qui ne renseignent pas beaucoup sur la diversité fonctionnelle. Cette étude visait donc à mieux comprendre ces interactions en combinant des approches métagénomiques et l'isolement de microorganismes, afin d'identifier des taxons associés au pathobiome ainsi que des antagonistes potentiels dont les fonctions pourraient être combinées pour créer des communautés microbiennes synthétiques (SynComs). Les résultats du séquençage de plus de 30 échantillons de galles ont permis de créer un catalogue non redondant de 9 millions de gènes microbiens et de reconstituer ~100 génomes bactériens. Ces analyses ont révélé la présence de phytopathogènes secondaires, tels que *Fusarium*, *Ralstonia* et *Pectobacterium*, susceptibles de contribuer au développement de la maladie par la dégradation de métabolites de défense et de composants de la paroi cellulaire végétale. Afin de passer d'une caractérisation descriptive à l'identification de fonctions du microbiome, 250 souches bactériennes issues de tissus de canola infectés ou non ont été isolées et évaluées *in vitro* et *in planta*. Plusieurs souches, principalement du genre *Bacillus* sensu lato, ont montré une forte inhibition de pathogènes comme *Sclerotinia* et *Fusarium*, ainsi que des traits favorables à la croissance végétale. Ces résultats serviront de base au développement de SynComs à tester contre la hernie des crucifères en conditions de champ.

Decoding ERG3: What homologous expression and mutant libraries reveal about an ergosterol synthesis gene

David F. Jordan, Mathilde Roland-Caverivière, Alexandre K. Dubé, Isabelle Gagnon-Arsenault and Christian R. Landry

The synthesis of ergosterol, the fungal equivalent of cholesterol, is an important pathway in yeast. The pathway is vital for cell growth, but mutations in multiple genes confer resistance to different antifungal drugs. Mutations can also impact what sterol molecules are produced, resulting in varied sterol profiles, thus affecting growth in different conditions.

One enzyme, Erg3, is involved in resistance to 3 of 4 classes of antifungal drugs. We built a series of plasmids allowing us to express ERG3 homologues from multiple species in the model yeast *Saccharomyces cerevisiae*. By mutating these plasmids, we found that equivalent mutations in different ERG3 homologues lead to the same resistance profile.

We then focused on the ERG3 gene of *Candidozyma auris*, an emerging pathogen, and undertook a Deep Mutational Scan (DMS). This means that we created every possible single amino acid mutation in the protein, and measured the effect of all mutations in different conditions.

We measured which mutations caused the protein to lose its function. We found that loss-of-function mutations cluster in two regions of the protein: transmembrane helices, and the catalytic domain. We also measured how much of an impact each mutation had on cell growth in the absence of stress. Loss-of-function mutations were the only mutations with substantial impacts on the cell. Surprisingly, non-synonymous loss-of-function mutations had a greater impact on the cell than premature stop codons. To follow up, we are studying the effect of mutations on antifungal drug resistance, and how this correlates with function and cost.

AFFICHES / POSTERS

Session 1 (Matin)

ID	Nom	Titre
1	Alexandre Bastien	Plateforme d'Imagerie et Microscopie de l'IBIS
3	Ariane Lemieux-Després	Dégrader des spores de <i>Plasmodiophora brassicae</i> , c'est du sport!
5	Ely St-Germain	Identification d' <i>Aeromonas salmonicida</i> basée sur une approche moléculaire
7	Eya Ladhari	Caractérisation de bactériophages du groupe Twort infectant la bactérie <i>Staphylococcus hyicus</i>
9	Laurence Bélanger	Diversité microbienne associée au sapin baumier (<i>Abies balsamea</i>) dans un contexte d'émergence de la pourriture racinaire causée par <i>Phytophthora abietivora</i> .
11	Sophia Anh Mailloux	Développement d'une approche expérimentale pour évaluer l'importance du court-circuit viral dans l'export de carbone marin
13	Andrée-Ann Bolduc	Caractérisation de la qualité de l'eau de sources naturelles dans un village nordique au Nunavik
15	Ariane Barrot	Le génome des bactéries associées aux cicadelles révèle la présence d'agents de biocontrôle potentiels
19	José Alejandro Barboza Del Toro	Efficacy of biological products against <i>Clavibacter michiganensis</i> on tomato plants under greenhouse conditions in Québec
21	Lia Normand	Caractérisation biochimique de mécanismes de défense chez <i>Streptococcus thermophilus</i>

AFFICHES / POSTERS

Session 1 (Matin)

ID	Nom	Titre
23	Philippe Dubé	Dynamique & non-disjonction des chromosomes sexuels en présence d'aberrations chromosomiques
25	Rébecca St-Laurent	L'effet inhibiteur des substances sécrétées par les bactéries lactiques sur l'agent pathogène porcin <i>Staphylococcus hyicus</i>
27	Camille Bédard	Phylogenetic variation in intrinsic antimicrobial drug susceptibility constrains resistance evolution
29	Edouard Reed-Métayer	L'hybridation introgressive naturelle avec l'épinette rouge influence-t-elle les caractères adaptatifs de l'épinette noire ? Perspectives issues d'une population d'amélioration génétique multi-sites
31	Léa Lebert	Détection précoce de la graphiose de l'orme par utilisation de Composés Organiques Volatiles (COVs)
33	Sophie Bories	Using amino acids energetics for predicting the positioning of proteins in membranes of specific composition
35	André Soro	Densités minimales de marqueurs pour des prédictions par la génomique et des estimations d'héritabilité précises chez trois espèces majeures d'épinettes nord-américaines et européennes
37	Florent Sylvestre	Développer les ressources génomiques de l'Arctique canadien en assemblant les génomes mitochondriaux de cicadelles et d'une mouche parasitoïde
39	Maribel Diaz Garza	Development of a Base Editing tool in pathogenic yeast to study antifungal resistance
41	Mousumii Sarker Chhanda	Genomic diversity of 22 Staphylococcus bacteriophages isolated from a single swine farm in Quebec, Canada

AFFICHES / POSTERS

Session 2 (Après midi)

ID	Nom	Titre
2	Alexandre Robichaud	Évaluation du spectre antimicrobien de bactéries lactiques actives contre <i>Staphylococcus hyicus</i>
4	Arielle Savard	Quantifying Erg11 Abundance Across Mutants to Understand Azole Resistance Mechanisms in <i>Candida albicans</i>
6	Emma Saint-Pierre	Investigating the evolutionary interdependence between proteins of a metabolic pathway
8	Frédérique Grenier	Caractérisation d'une interaction protéine-protéine médiée par le SARS-CoV-2 qui favorise l'adhésion fongique aux cellules hôtes
10	Pascal Grondin	Cultiver la matière noire de la phyllosphère par écologie inverse
12	Victoria Pharand	Influence de l'environnement sur la santé de l'orme d'Amérique en milieu urbain
14	Christina Rossignol-Garon	Au-delà de CRISPR-Cas : découverte de nouveaux systèmes de défense contre les phages chez <i>Streptococcus thermophilus</i>
16	Christophe Dussault	Conformational dynamics of the SARS-CoV-2 RBD as a driver of immune evasion
18	Joseph Descarreaux	Lassa Virus: Dissecting the Roles of the Matriglycan and the Fusion Domain in Viral Entry
20	Richy Leonel Mizoy	A transcriptomic analysis reveals the presence of satellite DNA-derived lncRNAs in <i>Drosophila</i> ovaries
22	Mathieu Giguère	Antifungal Resistance Prediction Using Targeted Sequencing

AFFICHES / POSTERS

Session 2 (Après-Midi)

ID	Nom	Titre
24	Rose-Marie Boucher	Synergie infectieuse entre les champignons responsables de la mucormycose et le SARS-CoV-2
26	Benjamin Ouellet	Cold-operable biodiesel from oleaginous yeast tailored through oxygen and nitrogen co-limitation
28	David Jordan	Decoding ERG3: What homologous expression and mutant libraries reveal about an ergosterol synthesis gene
30	Jiaxu Wu	Dissecting Cra - mediated resistance to <i>Plasmodiophora brassicae</i>
34	Abraão Almeida Santos	Is the winter survival area of <i>Empoasca fabae</i> (Hemiptera: Cicadellidae) continuously expanding?
36	Audrey Addablah	Staphylococcal phages with broad activity and milk stability to control mastitis in Kenyan dairy goats
38	Gabriela Bernal Astrain	Tracing the past evolution of Ras signalling
40	Marie-Ève Picard	Epistasis limits but does not prevent the transfer of mutation-drug resistance mapping across 600 million years of fungal evolution
42	Nicolas Deslauriers	La comparaison génomique de souches hypervirulentes d' <i>Actinobacillus pleuropneumoniae</i> de sérotype 8 permet l'identification de quatre potentiels gènes de virulence

REMERCIEMENTS

Logo de la journée étudiante de l'IBIS

Le comité étudiant de l'IBIS tient à remercier Loïc Soumila du laboratoire Bernatchez pour la conception du logo de la journée de l'IBIS. Le logo a été sélectionné il y a quelques années 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, cinq kiosques d'exposants seront présents à la Journée étudiante de l'IBIS. Les commanditaires de palier platine: GoldBio, Element Biosciences, Eppendorf et Société Provancher seront présents. HémaQuébec aura également un kiosque pour présenter sa recherche auprès des étudiants. Vous êtes encouragés à discuter avec les représentants de ces commanditaires lors des pauses café, des sessions d'affiches et du dîner.

COMITÉ ÉTUDIAN

Cette année, le comité étudiant est composé de:

- **Christina Rossignol-Garon (Co-Présidente)** (Laboratoire Moineau)
- **Bastien Rubin (Co-Président)** (Laboratoire Moore)
- **Gabriela Bernal Astrain** (Laboratoire Landry)
- **Jérémy Latulippe** (Laboratoire Hessenauer)
- **Léa Lebert** (Laboratoire Porth)
- **Imane Mehdi** (Laboratoire Moore)
- **Richy Leonel Mizoy** (Laboratoire Flynn)
- **Mathilde Roland-Caverivière** (Laboratoire Landry)

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 Christina (christina.rossignol-garon.1@ulaval.ca) ou à Bastien (bastien.rubin.1@ulaval.ca) pour plus d'informations. Votre implication peut être aussi grande ou petite que vous le souhaitez. Nous sommes aussi ouverts aux suggestions pour améliorer la Journée étudiante ou pour tenir d'autres événements.