

# Caractérisation et développement d'outils de lutte biologique contre les principales souches de *Streptomyces* spp. causant la gale commune au Québec

## Rapport 2021-2022 pour le CRPTQ

Martin Filion, Claudia Goyer, Carole Beaulieu

<b>Objectif 1</b>	
Description:	Caractériser au niveau génétique les souches de <i>Streptomyces</i> spp. responsables de la gale commune au Québec en association avec différents producteurs québécois répartis sur l'ensemble du territoire.
Livrable:	Cet objectif va permettre de déterminer quelles souches de <i>Streptomyces</i> spp. sont prévalentes au Québec et quelles sont leurs principales caractéristiques morphologiques et génétiques.
Ce qui a été réalisé:	Des pommes de terre galées (présentant des symptômes de la gale commune) ont été obtenus de 24 producteurs (36 champs distincts) localisés dans 6 régions administratives du Québec. Les <i>Streptomyces</i> spp. responsables de symptômes de la gale commune ont été isolés en cultures pures à partir de ces pommes de terre, permettant d'obtenir une représentativité de la diversité des <i>Streptomyces</i> spp. causant la gale commune à l'échelle provinciale. Près de 300 souches de <i>Streptomyces</i> spp. ont été isolées, leur ADN génomique extrait et la caractérisation génétique de ces souches, incluant leur génotypage à l'aide de techniques de rep-PCR et le séquençage de génomes représentatifs à l'aide de la technologie PacBio a été complété. À la suite de l'assemblage, les séquences génomiques, ainsi que les annotations ont été déposées dans la banque de données GenBank. Différentes analyses bioinformatiques ont été réalisées sur ces génomes pour identifier la présence/absence de gènes clés impliqués dans la pathogénicité/virulence.
Principaux résultats :	Les quelques 300 souches de <i>Streptomyces</i> spp. testées peuvent être regroupées en 12 groupes génétiques distincts (G1-G12). Les groupes génétiques G3, G4, G5, G7, G8, G9 et G10 appartiennent à <i>S. scabiei</i> ; le groupe génétique G6 appartient à <i>S. turgidiscabies</i> ; le groupe génétique G1 appartient à <i>S. acidiscabies</i> et finalement les groupes G2, G1 et G12 appartiennent à des espèces non-caractérisées à ce jour.

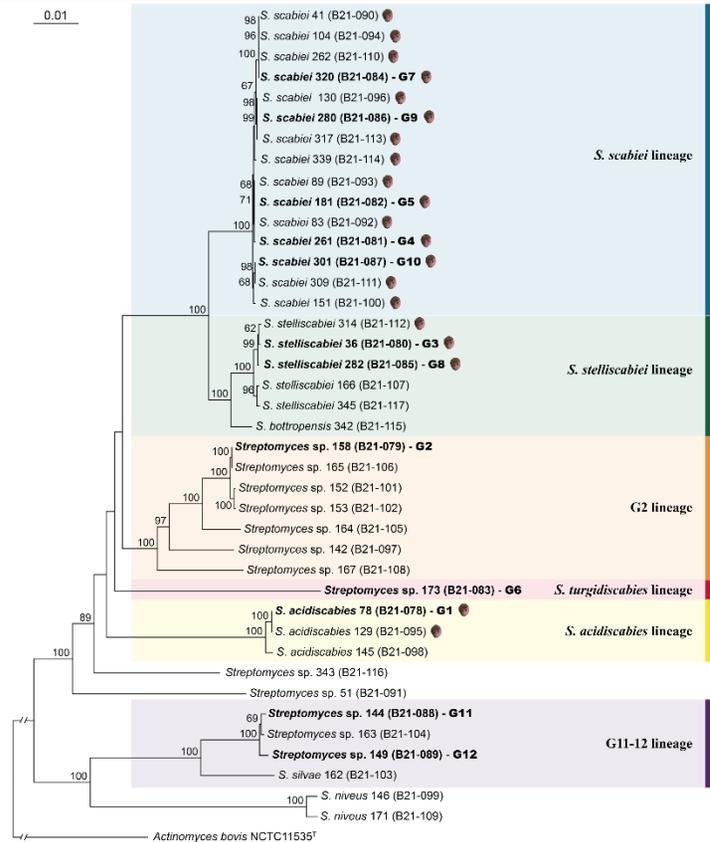


FIG. Neighbor-joining phylogeny (Jukes-Cantor method) based on the concatenated alignment of the complete sequences of 4 housekeeping genes (*atpD*, *recA*, *rpoB* and *trpB*). A scabbed potato next to the name of a strain indicates that it harbors the thaxtomin biosynthetic cluster. Only bootstrap values superior to 60% (out of 1000 replicates) are shown. *Actinomyces bovis* NCTC11535<sup>T</sup> was used as an outgroup.

Nous sommes présentement à compléter les analyses de distribution de ces groupes génétiques dans les différentes régions productrices de pommes de terre au Québec ainsi que le développement d'un atlas génomique qui présente la présence/absence de gènes clés dans les 12 génomes à l'étude.

## Objectif 2

Description:

Caractériser l'agressivité de ces souches par des essais contrôlés afin de déterminer lesquelles engendrent une incidence et/ou une sévérité de symptômes élevée et identifier les souches clés à cibler dans le cadre du développement d'outils de lutte.

Livable:

Cet objectif va permettre de déterminer quelles sont les souches de *Streptomyces* spp. les plus présentes et les plus

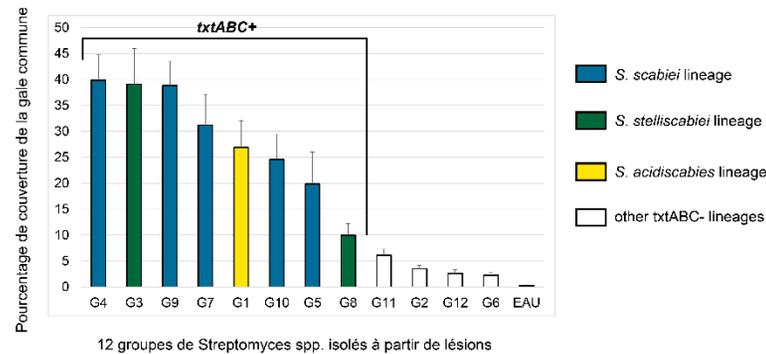
agressives retrouvées au Québec.

Ce qui a été réalisé:

Les essais d'agressivité des douze groupes génétiques de *Streptomyces* spp. identifiés à l'objectif 1 ont été réalisés en serres. Des plants de pommes de terre ont été cultivés en pots en utilisant du sol agricole inoculé avec les différentes souches (groupes génétiques) de *Streptomyces* spp. en utilisant un dispositif expérimental robuste. Les symptômes (couverture de gale) ont été notés à maturité sur les tubercules et les analyses statistiques appropriées ont été réalisées pour identifier les souches les plus virulentes. **CET OBJECTIF EST COMPLÉTÉ.**

Principaux résultats :

L'agressivité des 12 groupes génétiques de *Streptomyces* spp. est très différente (couverture de gale variant de 3 à 40%). Les groupes génétiques qui possèdent la capacité génétique de produire la phytotoxine thaxtomine A sont clairement plus agressives. Parmi ces derniers, les groupes génétiques G3, G4 et G9 engendrent le plus de symptômes.



### Objectif 3

Description:

Tester la capacité d'une large collection de bactéries d'intérêt en biocontrôle à réduire l'incidence et la couverture de gale causée par les souches les plus virulentes de *Streptomyces* spp. en conditions contrôlées et en champs.

Livable:

Les résultats permettront de déterminer quelle.s souche.s de *Pseudomonas* spp. productrice.s de composés phénaziques ou autres peut(vent) significativement réduire les symptômes de la gale commune en conditions contrôlées et en champs.

Ce qui a été réalisé:

Une première expérience en conditions de champs est présentement en cours dans laquelle différentes inoculations de *Pseudomonas* spp. phyto-bénéfiques ont été réalisées chez des pommes de terre (cultivar Normand) pré-inoculées avec une souche dominante de *Streptomyces* spp. fortement pathogène. À la récolte, les symptômes de gale commune et le rendement des pommes de terre (déterminé en termes de poids et taille des tubercules) seront évalués.

Principaux résultats :

À venir.