

DES OUTILS GÉNOMIQUES POUR UN MEILLEUR USAGE DES PESTICIDES EN MILIEU AGRICOLE

– DOCUMENT D'ORIENTATION POLITIQUE –



Photo par Dave, Unsplash

RAYNALD DUPRAS, ANN LÉVESQUE, JÉRÔME DUPRAS

CENTRE DE LA SCIENCE DE LA BIODIVERSITÉ DU QUÉBEC (CSBQ)
UNIVERSITÉ DU QUÉBEC EN OUTAOUAIS (UQO)

MONTRÉAL – SEPTEMBRE 2020

Génome Québec

Génome Québec est un organisme privé à but non lucratif, ayant pour mission de catalyser le développement et l'excellence de la recherche en génomique, son intégration et sa démocratisation. Pilier de la bioéconomie, l'organisme contribue également au développement social et durable, ainsi qu'au rayonnement du Québec.

Centre de la science de la biodiversité du Québec (CSBQ)

Le Centre des sciences de la biodiversité du Québec (CSBQ) regroupe plus de 120 chercheurs d'avant-garde d'ordre national et international. Le CSBQ apporte une valeur ajoutée à la recherche en biodiversité.

Les trois mandats du CSBQ sont :

1. Favoriser et promouvoir un programme de recherche de niveau international à tous les cycles universitaires (baccalauréat, cycles supérieurs, postdoctoraux, professoraux) en science de la biodiversité.
2. Faciliter la coopération scientifique multidisciplinaire au sein de différents groupes de chercheurs québécois en science de la biodiversité et ainsi promouvoir la recherche faite au Québec à des niveaux nationaux et internationaux.
3. Faciliter le développement de politiques pour la biodiversité, et contribuer au débat académique et public sur la perte de biodiversité au Québec, au Canada et ailleurs dans le monde.

Objectifs du mandat confié au CSBQ par Génome Québec

Dans le but de favoriser une meilleure connaissance sur les enjeux relatifs à l'utilisation des pesticides en milieu agricole, Génome Québec a confié au Centre de la science de la biodiversité du Québec (CSBQ) le mandat de produire un document d'orientation politique sur l'application des outils de génomique pour favoriser un meilleur usage des pesticides en milieu agricole. Ce document est le fruit d'une analyse documentaire et d'une réflexion issue d'un groupe de discussion entre quatre chercheurs du milieu académique et institutionnel ainsi que des entretiens semi-dirigés avec trois professionnels d'agence gouvernementale, et n'engage en rien Génome Québec.

TABLE DES MATIÈRES

1. Résumé exécutif	4
2. Contexte	6
2.1. L'usage des pesticides en agriculture et ses enjeux socioécologiques	6
2.2. L'utilisation actuelle des outils génomiques pour favoriser un meilleur usage des pesticides en milieu agricole.....	7
3. La génomique à la rescousse des défis phytosanitaires agricoles.....	9
3.1. Les outils génomiques pour soutenir l'étude des agroécosystèmes	9
3.2. La génomique pour mieux comprendre les mécanismes écologiques liés à la dégradation des pesticides dans l'environnement.....	11
3.3. Le rôle des outils génomiques comme outils d'aide à la décision pour la lutte intégrée	12
3.4. Les avancées de la génomique en matière de biocontrôle	14
3.5. L'amélioration et la valorisation de cultivars par la génomique dans une optique de réduction des pesticides.....	16
4. Les freins à l'utilisation des outils génomiques en agriculture.....	17
5. Conclusion	18
6. Liste des références	19

1. Résumé exécutif

Malgré les avancées notables du secteur agricole quant à la gestion intégrée des ennemis des cultures, l'utilisation des pesticides demeure omniprésente. Elle se révèle la plupart du temps d'une grande efficacité pour maintenir ou augmenter la productivité agricole. Ces produits génèrent toutefois des répercussions négatives sur la faune, la flore et la santé humaine. Ainsi, l'usage des pesticides pose un réel défi pour les secteurs de l'agriculture et de la santé publique. Les décideurs font face à plusieurs complications engendrées par les pesticides, telles que : la perte de biodiversité, la contamination des écosystèmes et des aliments, et l'exposition des travailleurs agricoles à ces produits.

La science de la génomique peut favoriser un meilleur usage des pesticides à différents niveaux. En plus de soutenir l'amélioration des cultivars et le développement des biopesticides, les outils génomiques peuvent caractériser les communautés microbiennes entières présentes sur les plantes et dans le sol. Cette percée majeure permet de mieux comprendre la relation entre les plantes et leur microbiote, ainsi que les caractéristiques biotiques et abiotiques du milieu. En effet, les communautés microbiennes représentent une partie essentielle de la biomasse et contribuent de façon importante à toute l'activité biochimique des écosystèmes. Les outils génomiques peuvent également soutenir le dépistage des pathogènes dans les agroécosystèmes, établir la réponse de ces pathogènes aux agents chimiques et évaluer leur degré de résistance à différents produits phytosanitaires. Ces informations peuvent influencer les stratégies pour une diminution de l'utilisation des pesticides.

Malgré toutes les opportunités qu'offre la science de la génomique, de nombreux freins font en sorte que ces outils sont encore peu utilisés à la ferme. Des investissements majeurs seront nécessaires pour mettre sur pied différents sites expérimentaux en milieu agricole. Certaines recherches, en particulier sur les sols, devront s'échelonner sur plusieurs années pour établir des valeurs de référence valables et robustes. Des mécanismes de gouvernance devront aussi être mis en place pour favoriser une bonne utilisation des bases de données, une collaboration entre les différents acteurs du secteur agricole et un transfert des connaissances optimal vers le milieu pratique.

Ce rapport fait un survol des enjeux relatifs à l'utilisation des pesticides en milieu agricole et présente les outils génomiques disponibles pour répondre aux défis identifiés. Il propose également, pour les décideurs politiques, des recommandations pour faciliter l'usage de ces outils en agriculture et positionner le Québec comme un des leaders mondiaux dans ce domaine.

Recommandations aux décideurs¹

1. Promouvoir l'utilisation des technologies de séquençage de nouvelles générations, afin de brosser un portrait complet et précis des populations microbiennes au niveau du sol (p. 9).
2. Positionner, en première ligne, l'utilisation d'outils génomiques comme la PCR et la qPCR pour évaluer des fonctionnalités précises à l'intérieur d'un agroécosystème (p. 10).
3. Instaurer des programmes de recherche sur le terrain qui soutiennent la cueillette de données sur une longue période (8 à 10 ans), afin d'établir des valeurs de référence valides pour la qualité des sols (p. 11).
4. Étudier à l'aide de l'ingénierie génétique, le rôle des microorganismes dans la dégradation des pesticides en mettant l'accent sur le niveau d'expression d'enzymes spécifiques à la dégradation (p. 12).
5. Mettre en place un programme de détection de gènes de résistance dans différentes cultures, dans le but de cibler et adapter les interventions (p.13).
6. Développer des indicateurs de santé du sol en priorisant l'utilisation de la métagénomique dans l'analyse des échantillons pour identifier un ou des microorganismes représentatifs d'un état de santé précis (p. 13).
7. Promouvoir l'utilisation d'outils génomiques comme la PCR et la qPCR auprès des intervenants qui œuvrent sur le terrain et leur offrir une formation adéquate (p. 14).
8. Offrir aux producteurs agricoles intéressés une formation adéquate sur l'utilisation des outils génomiques et les soutenir financièrement pour l'intégration de ces outils dans leur entreprise (p. 14).
9. Mettre en place de nouvelles stratégies de lutte biologique par l'identification ou la modification de certains microorganismes à l'aide des technologies de la métagénomique et de l'édition du génome (p. 16).
10. À l'aide d'outils dérivés de la génomique, mettre sur pied un guide de semences indépendant affichant une biodiversité phytogénétique bien adaptée aux différentes régions pédoclimatiques du Québec (p. 17).
11. Mettre en place un réseau de laboratoires public avec l'instrumentation et l'expertise requise pour offrir un service rapide d'analyses des résultats afin de soutenir une prise de décision adéquate (p. 17).
12. Favoriser la collaboration entre les différents groupes de chercheurs pour mettre en place des protocoles standards pour l'utilisation d'outils génomiques qui devront être suivis dans tous les laboratoires (p. 17).
13. Faciliter la collaboration entre les différents groupes de recherche pour la mise en place de bases de données d'accès public disponibles à tous les intervenants du milieu agricole (p. 18).

¹ La séquence dans laquelle les recommandations sont présentées ne constitue pas un ordre de priorité.

2. Contexte

2.1. L'usage des pesticides en agriculture et ses enjeux socioécologiques

Depuis le début du 20^e siècle, la production agricole s'est intensifiée de façon significative pour faire face à l'augmentation rapide de la population mondiale. En effet, selon les estimations de l'Organisation des Nations Unies, celle-ci atteindra 9,5 à 10 milliards d'individus d'ici l'an 2050 (ONU, 2015). Pour nourrir toutes ces bouches, une véritable révolution verte a vu le jour, soutenue par l'apparition des fertilisants de synthèse combinée à des variétés de culture à rendement supérieur et l'arrivée des pesticides de synthèse (Carvalho, 2006). Ainsi, la production mondiale de ces produits chimiques est passée de 0,2 million de tonnes en 1950 à 5 millions de tonnes en l'an 2000 (FAO, 2017). Depuis, les ventes pour tous les types de pesticides sont en croissance : les herbicides occupent le premier rang, suivi des insecticides et des fongicides (Carvalho, 2017). Au fil du temps, les pesticides sont devenus des composantes essentielles des systèmes agricoles mondiaux, permettant un accroissement notable du rendement des cultures et, par conséquent, de la production de nourriture (Alexandratos et Bruinsma, 2012).

La demande croissante pour les denrées alimentaires est d'autant plus importante depuis que les effets des changements climatiques, comme les sécheresses et les inondations plus fréquentes, affectent les cultures commerciales et, donc, la disponibilité des aliments de base pour une large proportion de l'humanité (Chapli-Kramer *et al.*, 2019). L'augmentation de la température et les variations de la dynamique des précipitations influencent également la stratégie de protection des récoltes (Delcour *et al.*, 2015) et affectent le sort des pesticides au niveau du complexe sol-sédiment-eau. Pour remédier à ces problèmes, différentes approches sont déjà employées par les producteurs agricoles (ex. : implantation de haies brise-vent, cultures intercalaires, bandes riveraines, etc.) pour adapter leurs entreprises. Un autre effet néfaste des changements climatiques consiste en l'apparition de nouveaux ravageurs ou l'élargissement de l'aire de répartition de ceux déjà existants (*ibid*). Cette situation peut avoir comme conséquence une utilisation accrue des pesticides si d'autres alternatives ne sont pas disponibles.

L'approche actuelle de protection des cultures en est une circulaire qui consiste à identifier l'organisme nuisible, développer un produit phytosanitaire, observer les effets collatéraux et l'apparition de nouveaux problèmes, fabriquer de nouveaux produits, etc. Cette approche est basée sur le principe de l'essai-erreur et apporte, certes, des résultats, mais cause également des impacts négatifs d'ordre environnemental et de santé publique (Carvalho, 2017).

L'usage des pesticides est une source de contamination importante pour l'environnement au niveau local, mais son effet se fait sentir également à un niveau plus global. De façon générale, la présence de résidus chimiques dans l'environnement peut avoir des conséquences dramatiques sur l'ensemble des différents écosystèmes terrestres et aquatiques. Au fil du temps, des efforts considérables ont été déployés pour comprendre le comportement des pesticides dans l'environnement, incluant leur dégradation et leur toxicité. Les pesticides de fabrication récente sont encore plus dégradables, mais ont tendance à s'accumuler année après année dans les eaux de surface, comme c'est le cas avec le glyphosate (McKnight *et al.*, 2015). De plus, les effets toxiques des pesticides ne sont pas exclusifs aux organismes nuisibles ciblés ; ils s'étendent également à d'autres organismes similaires, causant des dommages à la biodiversité, à la santé des écosystèmes et, ultimement, à la santé humaine. En général, ces produits peuvent subir plusieurs transformations chimiques avant de se retrouver dans d'autres écosystèmes, en dehors de la région d'application, exerçant ainsi leurs effets toxiques sur des organismes non visés (Taylor *et al.*, 2003). De plus, certains pesticides contiennent des composés volatils qui peuvent, en partie,

être transportés par les courants atmosphériques sur de longues distances (Garbarino *et al.*, 2002).

L'érosion des sols, les eaux de ruissellement et les rivières permettent le transport de quantités significatives de pesticides. Certains produits, par exemple le DDT et le Chlordane, qui sont interdits depuis plusieurs années, se retrouvent encore aujourd'hui dans des environnements côtiers. Ces résidus toxiques, même à très faible concentration, peuvent éliminer des espèces aquatiques, compromettant ainsi la biodiversité et le fonctionnement des écosystèmes (Rand, 1995). Selon une vaste étude menée sur ces écosystèmes à travers le monde, il a été démontré que des résidus sont présents partout sur la planète et sont concentrés principalement au niveau de la faune marine (Jamieson *et al.*, 2017). D'autres études ont démontré que les pesticides (particulièrement les herbicides) affectent aussi la relation symbiotique des algues et détruisent le corail (Lewis *et al.*, 2009). L'élimination progressive de certains produits chimiques persistants en accord avec la convention de Stockholm en 2002 a contribué à réduire l'exposition des humains à ces produits toxiques. Par exemple, au cours des dernières décennies, des études menées dans plusieurs pays ont démontré qu'il y a une diminution constante de DDT dans les tissus adipeux humains et dans le lait (Carvalho, 2017).

Malgré les améliorations notables en ce qui concerne le contrôle des résidus de pesticides, leur utilisation demeure un enjeu qui soulève des préoccupations non seulement environnementales, mais également de santé humaine de la part de l'opinion publique (Goddard *et al.*, 2018 ; Reeves *et al.*, 2019). Au Canada et au Québec, ces préoccupations sont prises en compte par les instances publiques notamment par le biais de la Loi sur les produits antiparasitaires (2002), du Code de gestion des pesticides (2003) et de stratégies diverses visant à minimiser les risques associés à l'utilisation des pesticides. Dans une étude de l'Institut national de santé publique du Québec, il est mentionné que les bénéfices pour la santé reliés à la consommation de fruits et de légumes dépassent largement les risques de cancer attribués aux résidus de pesticides présents dans ces aliments (Valcke, 2017). Cependant le risque n'est pas négligeable et des incertitudes existent quant à l'innocuité de ces produits pour la santé humaine (*ibid.*). De ce fait, des efforts devraient être déployés pour réduire l'exposition de la population à ces produits.

2.2. L'utilisation actuelle des outils génomiques pour favoriser un meilleur usage des pesticides en milieu agricole

Les ravageurs (phytopathogènes et autres) et les mauvaises herbes limitent le rendement des récoltes et menacent la production durable. La majorité des exploitations végétales actuelles sont dépendantes d'un contrôle chimique des espèces nuisibles. Afin de réduire l'effet collatéral des pesticides sur l'environnement, des mesures alternatives doivent être adoptées pour améliorer la résistance des cultures et contrôler les ravageurs. Le développement de nouveaux cultivars, la mise au point de biopesticides et de biostimulants, l'application des principes de lutte intégrée à la ferme, le contrôle de l'érosion des sols, la rotation des cultures sont des exemples de stratégies à adopter.

Les percées récentes en biologie moléculaire ont ouvert la voie à l'élaboration d'outils génomiques parfois sophistiqués pouvant s'avérer utiles dans plusieurs domaines de l'agriculture. Voici quelques exemples de sphères à l'intérieur desquelles l'emploi d'outils génomiques est indispensable :

1. Dépistage précoce de pathogènes ;
2. Identification des pathogènes dans un contexte d'infestations ;
3. Détection de gènes de virulence associés à un agent pathogène ;
4. Sélection et modifications des cultivars ;

5. Identification d'indicateurs microbiens en relation avec la santé des écosystèmes ;
6. Mise au point de méthodes de contrôle comme les biostimulants ou les biopesticides.

Les outils utilisés varient selon les besoins des différentes sphères d'activité. Voici la description de quelques-uns d'entre eux.

Les méthodes de détection moléculaire basée sur la **PCR** (polymerase chain reaction) ont grandement contribué à identifier de façon sensible, fiable et précise, et à quantifier plusieurs espèces de pathogènes (Sanzani *et al.*, 2014). Cependant, la majorité des tests (outils) disponibles découlant de cette méthode sont spécifiquement désignés pour détecter une ou quelques espèces en ciblant des gènes d'intérêt. Par conséquent, ils sont inappropriés pour une détection plus large des phytopathogènes dans les agroécosystèmes (écosystèmes cultivés correspondant à l'unité spatiale de l'exploitation agricole et dont les fonctions systémiques sont valorisées sous forme de biens et services écosystémiques).

Le **Metabarcoding** est un outil avec lequel plusieurs espèces peuvent être caractérisées dans un écosystème. Il peut jouer un rôle important au niveau de la détection et la dispersion des phytopathogènes exotiques qui sont devenus une menace en raison de l'accroissement des échanges internationaux et des changements climatiques (Brasier, 2008). Plusieurs de ces pathogènes ne causent pas de dommages importants dans leur milieu d'origine et sont donc moins connus et moins susceptibles d'être identifiés. La détection de tous les organismes dans un écosystème demeure un défi et la technologie du Metabarcoding représente un levier puissant pour la surveillance et la prévention d'une éclosion causée par les pathogènes exotiques (Comtet *et al.*, 2015). Cet outil combiné à des amorces spécifiques peut révéler des associations hôtes pathogènes, ainsi que de nouveaux phylotypes dont la séquence d'ADN d'un segment donné est similaire à celle d'une espèce connue. Ces derniers doivent être identifiés subséquentement (Abdelfattah *et al.*, 2018). Ainsi, les données recueillies peuvent jouer un rôle pivot dans le développement d'approches biologiques - par exemple, les biopesticides et les biofertilisants - pouvant exercer un contrôle sur les pathogènes (Massart *et al.*, 2015).

Les **technologies d'édition du génome (TEG)** sont employées pour modifier l'immunité des plantes à différents niveaux et dans plusieurs cultures. Des gènes d'intérêts ont été remaniés avec succès pour augmenter la résistance aux pathogènes. Par exemple, les outils CRISPR-cas9 et TALEN ont été tous les deux utilisés pour intervenir au niveau du locus de résistance à la moisissure du blé, créant ainsi des plantes résistantes à l'oïdium ou la pourriture blanche. Les TEG ont également été utilisées pour mettre au point des plantes résistantes à la brûlure bactérienne des feuilles. Un autre exemple est l'introduction de nouvelles souches résistantes aux geminivirus qui cause de sérieux dommages à plusieurs cultures (Ji *et al.*, 2015). Ces outils peuvent moduler la résistance des plantes et, par conséquent, améliorer la performance des cultures dans l'optique d'une agriculture durable. Ils permettent, notamment, l'introduction d'une mutation spécifique réduisant les effets pléiotropes associés à une délétion complète d'un gène (Andolfo *et al.*, 2016).

Bien que les TEG soient porteuses d'avenir, il n'en demeure pas moins que l'acceptabilité sociale n'est pas encore au rendez-vous (Goddard *et al.*, 2018). Celle-ci est par ailleurs très partagée d'une personne à l'autre, selon les conditions d'application de ces technologies et les informations reçues a priori (Muringai, *et al.* 2020). Ainsi, des recherches futures seront nécessaires pour explorer sous quelles conditions le public en général accepte de consommer des produits alimentaires dérivés des TEG. Connaître les acteurs responsables du développement de ces nouvelles technologies et leur réglementation, ainsi que les effets sur la productivité agricole, l'environnement et la santé seraient des éléments essentiels à considérer pour établir un

consensus sur le sujet (ibid.). Des informations pertinentes provenant des groupes pro et anti OGM pourraient également aider la population à se faire une opinion précise sur ces produits (ibid.).

3. La génomique à la rescousse des défis phytosanitaires agricoles

3.1. Les outils génomiques pour soutenir l'étude des agroécosystèmes

Les microorganismes du sol jouent un rôle fondamental en agriculture, en occurrence dans le cycle biogéochimique du carbone, de l'azote, du soufre, du phosphore et de plusieurs autres métaux (Barnard *et al.*, 2005). Que ce soit des bactéries, des archées, des microeukaryotes ou les virus qui les infectent, les microorganismes se retrouvent rarement seuls dans le sol ; ils forment des communautés complexes qui sont dynamiques dans l'espace et dans le temps et qui assurent une certaine fertilité des sols. Toutefois, la présence de pesticides peut altérer la diversité microbienne et réduire leurs bienfaits. Les microorganismes ont un rôle central à l'intérieur des écosystèmes des sols, et leurs caractéristiques structurales et fonctionnelles, lorsqu'elles peuvent être mesurées, représentent un indicateur de choix pour évaluer l'impact des pesticides (Gwenaël *et al.*, 2012).

Jusqu'à présent, beaucoup de travaux ont analysé l'effet des pesticides sur les communautés microbiennes du sol, mais la plupart sont basées sur l'utilisation de cultures bactériennes standards. Les méthodes traditionnelles d'analyse des microorganismes reposent sur la prise d'un échantillon dans un écosystème, suivie de la culture des souches individuelles en laboratoire. Avec cette méthode, l'essentiel de la diversité microbienne demeure inaccessible (Berdy *et al.*, 2017), puisque la majeure partie des bactéries ne peuvent pas être cultivées en laboratoire. Seulement 1 % de la diversité microbienne serait identifiée par la mise en culture (Epstein, 2013 ; Rappé et Giovannoni, 2003 ; Chi-chu, 2010). L'accès à l'ensemble de la population microbienne est toutefois important puisque tous les microorganismes jouent un rôle primordial dans la biosphère (Epstein, 2013). Ainsi, l'utilisation de techniques moléculaires, comme la métagénomique, doit être priorisée puisqu'elle fournit toute l'information nécessaire pour identifier l'ensemble de la population bactérienne dans un environnement précis.

Les outils génomiques offrent un potentiel inestimable pour analyser les variations au niveau des communautés microbiennes. Les changements structuraux peuvent être reliés à l'expression de gènes spécifiques, ce qui trace la voie à une étude approfondie de la relation diversité-fonction et de l'influence qu'exercent les contaminants sur cette relation (Johnston *et al.*, 2015). Les méthodes d'analyses basées sur les techniques moléculaires ont un grand potentiel pour mesurer de façon sensible et efficace les effets secondaires des pesticides sur les fonctions écosystémiques du sol et sur la composition de la communauté microbienne (Feld *et al.*, 2015). Selon les outils utilisés, l'information concernant les communautés microbiennes peut être structurale ou fonctionnelle. Mentionnons entre autres le DGGE (*denaturing gradient gel electrophoresis*), la qPCR et les biopuces à ADN qui sont des outils offrant des informations limitées à des gènes d'intérêt déjà connus, tandis que la métagénomique peut séquencer l'ADN total d'une communauté et fournir de l'information taxonomique et fonctionnelle (Feld *et al.*, 2015).

RECOMMANDATION 1

Promouvoir l'utilisation des technologies de séquençage de nouvelles générations afin de dresser un portrait complet et précis des populations microbiennes au niveau du sol.

Par le passé, les stratégies d'évaluation de la santé des écosystèmes se sont concentrées sur la description de leurs caractéristiques chimiques combinée à des résultats de tests de toxicité en laboratoire (Scanen et al., 2007). Cependant, les approches plus modernes reconnaissent l'importance d'incorporer la surveillance biologique pour améliorer la capacité prédictive (Dequiedt et al., 2011). Le besoin d'avoir un portrait plus réaliste de l'écotoxicologie a conduit à la nécessité d'effectuer des tests sur des communautés plutôt que sur un individu (Edge et al., 2015). En effet, la réponse des communautés microbiennes aux contaminants fournit une évaluation plus sensible et plus précise, dans un contexte de processus et d'interactions biotiques, qui se produisent normalement dans un système contaminé (Birrer et al., 2017).

Les analyses qui fournissent la base pour l'évaluation des effets néfastes des pesticides sur les microorganismes sont souvent reliées à la transformation de l'azote et du carbone. Un exemple de fonctionnalité qui peut être évaluée à l'aide d'outils génomiques ciblant des gènes connus est le cycle de l'azote. Ce cycle comprend deux processus biochimiques importants, soit la nitrification (oxydation de l'ammonium) et la dénitrification. Ces deux phénomènes sont directement associés à la fertilité du sol et à son effet tampon, constituant ainsi des indicateurs biologiques appropriés pour l'évaluation de la qualité des sols (Wessen et al., 2011). Les communautés responsables de ces processus biochimiques sont considérées comme des modèles pour comprendre l'importance de la diversité microbienne dans la réponse du sol face aux différents stress environnementaux (Philippot et al., 2005).

Les techniques moléculaires utilisées pour l'étude du cycle de l'azote sont la PCR et la qPCR qui ciblent les gènes codant pour les enzymes responsables de la nitrification (p. ex. *amoA*) et de la dénitrification (p. ex. *nirK*) (Crouzet et al., 2016). Notons que des mesures chimiques traditionnelles pourraient s'ajouter afin d'aider à l'interprétation des résultats provenant des outils génomiques. Prenons l'exemple du cycle de l'azote : la mesure des activités enzymatiques responsables de la nitrification peut être un complément à l'étude de l'expression du gène *amoA* (associé à la nitrification) dans les communautés microbiennes. Citons d'autres exemples comme la mesure du métabolisme du phosphore, de la dégradation du sucre et de la respiration. Tous ces processus biochimiques sont souvent reliés à l'expression des gènes d'intérêt visés par les outils génomiques. Étant donné que les outils moléculaires sont très efficaces et de moins en moins dispendieux pour la plupart, leur utilisation pourrait plus facilement être intégrée dans des tests de toxicité standards, ainsi que dans des programmes de biosurveillance.

RECOMMANDATION 2

Positionner en première ligne l'utilisation d'outils génomiques comme la PCR et la qPCR pour évaluer des fonctionnalités précises à l'intérieur d'un agroécosystème.

Dans un contexte d'équilibre des sols, l'utilisation d'outils génomiques doit être optimisée avec un accès à des sols ou des microbiomes de référence afin de mieux évaluer l'état de perturbation du milieu. L'établissement de valeurs de référence valables au niveau des sols doit s'effectuer sur une longue période, c'est-à-dire 8 à 10 ans. En effet, les saisons agricoles étant différentes d'une année à l'autre, les programmes de financement d'une durée de trois ans ne permettent pas d'établir des valeurs de références robustes. En ce sens, il est primordial de soutenir la mise en place et le maintien de sites expérimentaux de longue durée.

RECOMMANDATION 3

Instaurer des programmes de recherche sur le terrain qui soutiennent la cueillette de données sur une longue période (8 à 10 ans) afin d'établir des valeurs de références valables pour la qualité des sols.

3.2. La génomique pour mieux comprendre les mécanismes écologiques liés à la dégradation des pesticides dans l'environnement

La métagénomique a aussi le potentiel de révéler de nouveaux éléments au niveau de la dynamique microbienne à l'intérieur de l'écosystème, comme les mécanismes responsables de la réponse aux contaminants. Jusqu'à maintenant, les études microbiologiques traditionnelles mesuraient la diversité microbienne seulement (Johnston *et al.*, 2015) sans pouvoir quantifier les processus ou le fonctionnement de façon simultanée (Kinsella *et al.*, 2016). Cette constatation souligne le fait que les changements structuraux au sein d'un écosystème ne reflètent pas nécessairement des changements dans sa fonction, par exemple, s'il y a beaucoup de redondance dans la communauté microbienne (Allison *et al.*, 2008). En utilisant des outils issus de l'approche moléculaire, les microbes représentent des bio-indicateurs sensibles et efficaces (Birrer *et al.*, 2017). À cause de leur interaction directe avec l'environnement, les communautés de bactéries et d'archées sont très sensibles aux modifications anthropogéniques à travers de grandes échelles spatiales (Sun *et al.*, 2012). Cette grande sensibilité face aux perturbations favorise une réponse forte et/ou rapide, en comparaison à des organismes résistants, ce qui offre la possibilité d'une détection précoce ou d'une détection de faibles concentrations de contaminants.

Les connaissances actuelles sur la capacité du sol à dégrader les pesticides et l'influence que ces derniers exercent sur les communautés microbiennes sont encore limitées (Chi-Chu, 2010). Il est difficile d'établir une relation entre la structure chimique d'un pesticide et son effet sur les différents groupes de microorganismes du sol. Le spectre de la réponse bactérienne dans les écosystèmes des sols face aux pesticides est vaste et implique des altérations dans la composition et la fonction des communautés bactériennes. Certains groupes microbiens sont capables d'utiliser les pesticides comme source d'énergie et de nutriments, tandis que ces mêmes pesticides peuvent être toxiques pour d'autres microorganismes (Johnsen *et al.*, 2001). De par leur toxicité, les pesticides peuvent réduire la diversité microbienne et en même temps favoriser la diversité fonctionnelle de certaines communautés en leur fournissant énergie et nutriments (Wang *et al.*, 2006). Les pesticides peuvent également inhiber ou tuer certains groupes de microorganismes et, ainsi, provoquer l'apparition d'autres groupes en retirant les premiers de la compétition (Hussain *et al.*, 2009 ; Feld *et al.*, 2015).

La composition de la communauté microbienne et son activité jouent un rôle primordial dans la dégradation des pesticides. Les microbes qui utilisent les pesticides comme source de nutriment les décomposent ultimement en petites molécules inorganiques, comme le CO₂ et le H₂O, à l'aide de réactions enzymatiques durant un processus appelé minéralisation (Tang, 2018), évitant ainsi une pollution secondaire par les métabolites. La minéralisation est un phénomène général qui fait état d'une conversion de molécules organiques en composés inorganiques sous l'action des microbes. D'une part, il existe des pesticides qui sont des analogues de composants naturels pour lesquels certains microorganismes possèdent les enzymes pour les dégrader ; d'autre part, la plupart des contaminants actuels sont des molécules de synthèse qui ne se retrouvent pas dans la nature et qui sont résistants à la dégradation microbienne. Étant donné que ces produits sont utilisés à grande échelle et que le processus naturel de dégradation par les microorganismes évolue lentement, le rythme de dégradation n'est pas suffisant pour en combler

les besoins ce qui fait que les pesticides ne peuvent être éliminés complètement. (Huang *et al.*, 2018).

Pour agir en amont des conséquences environnementales néfastes des pesticides, la bioprophylaxie pourrait s'avérer une avenue intéressante. Dans ce processus, des microorganismes autochtones et allochtones sélectionnés pour dégrader un composé donné sont ajoutés au sol au moment de la pulvérisation. Dans ce concept, le complexe microbien est appliqué en même temps que le pesticide pour optimiser sa dégradation et celle de ses métabolites, pour agir quand les polluants sont disponibles et pour réduire leur dispersion dans l'environnement. Cependant, il est difficile actuellement de déterminer avec précision le groupe de microorganismes minéralisant, de mettre au point une formulation galénique qui permettrait aux microorganismes de conserver leur pouvoir de dégradation et de s'assurer que l'efficacité du pesticide soit conservée en présence de la souche dégradante (Carles, 2016). De plus, les microorganismes peuvent perdre une partie de leur pouvoir de dégradation à l'application ou encore la réussite du processus peut être compromise par la biodisponibilité réduite du pesticide dans le sol (Carles, 2016). Une autre alternative serait de combiner la dégradation microbienne au captage des pesticides à la sortie des drains agricoles, ce qui permettrait de contourner le problème de persistance dans le sol des microorganismes impliqués dans la biodégradation.

La dégradation enzymatique des pesticides suscite beaucoup d'intérêt ; dans cette optique, les outils génomiques ont permis d'identifier des souches microbiennes ayant une capacité de dégradation améliorée. C'est le cas particulièrement des organophosphorés, une famille de pesticides, naturellement dégradables par une variété des microorganismes, mais pour qui le développement de nouvelles stratégies favorisant leur dégradation est nécessaire pour éviter leur accumulation dans l'environnement (Kumar *et al.*, 2018). À ce chapitre, des chercheurs ont mis en lumière le gène *oph* responsable de leur dégradation enzymatique. L'utilisation de ce gène et de son enzyme associé permet de mieux comprendre l'interaction microbe-pesticide à l'intérieur du processus de biodégradation (Gao *et al.*, 2012). Il est donc important de mettre en place des programmes de recherche en génomique, orientés vers le développement de technologies innovatrices et permettant une meilleure dégradation des pesticides.

RECOMMANDATION 4

Étudier, à l'aide de l'ingénierie génétique, le rôle des microorganismes dans la dégradation des pesticides en mettant l'emphase sur le niveau d'expression d'enzymes spécifiques à la dégradation.

3.3. Le rôle des outils génomiques comme outils d'aide à la décision pour la lutte intégrée

La dynamique microbienne dans un environnement donné est importante à considérer quand vient le temps d'élaborer des stratégies de lutte intégrée. L'emploi des outils génomiques peut soutenir la prise de décisions en agriculture pour faire un meilleur usage des pesticides et, ultimement, réduire considérablement leur utilisation à la source. Pour une analyse rapide et précise, les outils PCR, qPCR et le séquençage de Sanger sont utilisés au niveau des laboratoires de diagnostic pour éclairer les producteurs agricoles dans le choix de leurs traitements.

De façon générale, l'utilisation des outils génomiques est en forte croissance, mais les méthodes traditionnelles d'analyses demeurent une ressource fiable pour appuyer les résultats des tests génomiques en cas de doute. À l'inverse, les outils génomiques peuvent compléter les résultats issus des méthodes traditionnelles. En entomologie par exemple, l'approche de l'identification

visuelle est priorisée ; cependant, dans certains cas, celle-ci se limite au genre. Pour procéder à une identification taxonomique plus précise, la PCR s'avère l'outil de prédilection pour caractériser l'espèce à n'importe quel stade de son développement, ce qui évite de suivre son évolution jusqu'à son stade adulte. L'outil peut également être utilisé pour la recherche d'un gène de résistance chez l'insecte, ce qui permet de faire un meilleur choix lors du contrôle du ravageur.

Au Québec, les maladies fongiques attaquent un grand nombre de fruits et de légumes. Pour les détecter dès leur apparition, certaines entreprises maraîchères utilisent des capteurs de spores, principalement dans les cultures sensibles, comme la laitue, les fraises et les oignons. Lorsqu'il y a présence de spores, un test PCR peut être utilisé pour déterminer la présence et la quantité de l'espèce fongique. Ainsi, les résultats peuvent servir de leviers à une prise de décision au niveau du traitement. Dans l'optique de réduction de l'emploi des pesticides, le traitement préconisé sera proportionnel à la gravité de l'infestation : absence d'intervention si l'infestation est faible, biocontrôle ou traitement chimique, selon la situation. Étant donné que ce sont des technologies relativement nouvelles, l'interprétation et la prise de décisions demeurent souvent de gros défis.

Les capteurs sont également intéressants dans le domaine de la malherbologie (science qui étudie les mauvaises herbes) pour identifier les gènes de résistance à partir du pollen recueilli et cibler les traitements. Il y a cependant des limites à cette détection ; par exemple, lorsque plusieurs mutations sont responsables de la résistance. Dans ce cas, il faut avoir recours à des méthodes traditionnelles pour vérifier les données recueillies à partir de l'outil génomique, ce qui multiplie les tests et, par conséquent, augmente les coûts.

RECOMMANDATION 5

Mettre en place un programme la détection de gènes de résistance, dans différentes cultures, dans le but de cibler et adapter les interventions.

Au niveau de la science du sol, les outils génomiques peuvent aussi soutenir la prise de décision au sein de l'entreprise agricole. La biomasse microbienne est un indicateur important et fournit une bonne évaluation du lien entre l'activité des microorganismes et la transformation des nutriments et autres processus inhérents au fonctionnement des écosystèmes (Schultz *et al.*, 2008). Dans un premier temps, l'analyse métagénomique permet d'identifier un ou plusieurs microorganismes associés à un état écosystémique (par exemple, un sol productif, suppressif ou contenant des éléments toxiques). Ce n'est pas tant la fonction précise des microorganismes qui importe, mais ce que leur présence signifie dans l'écosystème. Lorsque des microorganismes représentatifs d'un état écosystémique sont à un seuil de détection, ils correspondent à un indice de santé du sol. Le but n'est pas de comprendre toutes les interactions qui expliquent le fonctionnement d'un sol, mais de trouver des corrélations positives ou négatives entre certaines communautés qui pourraient servir d'indicateurs sur les fonctions agricoles. L'évaluation de la santé des sols se veut une compréhension globale, holistique, de l'impact de certaines pratiques agricoles sur l'équilibre de l'agroécosystème. Ultiment, l'atteinte de cet équilibre favorisera une utilisation plus rationnelle des pesticides.

RECOMMANDATION 6

Développer des indicateurs de santé du sol en priorisant l'utilisation de la métagénomique dans l'analyse des échantillons pour identifier un ou des microorganismes représentatifs d'un état de santé précis.

Parallèlement à l'identification d'indicateurs microbiens par l'analyse métagénomique, l'utilisation d'outils spécifiques (PCR, qPCR) est essentielle afin de savoir si des communautés précises atteignent un certain seuil, une certaine nuisibilité. Ces outils permettent de mieux interpréter certains phénomènes, en complément avec d'autres disciplines comme la biochimie, par exemple. En utilisant des outils reliés à des marqueurs moléculaires précis, les microorganismes indicateurs peuvent être identifiés sans avoir recours chaque fois à l'analyse métagénomique, ce qui diminue le coût et le temps de réponse des analyses.

Il existe au Québec un réseau très étoffé de conseillers agricoles non liés (Réseau Agriconseils) offrant des services-conseils indépendants et adaptés aux besoins des entreprises agricoles. Étant donné que la science de la génomique occupe une place privilégiée au sein des entreprises agricoles, une formation adéquate des intervenants pour l'utilisation des outils génomiques serait indispensable. Du même coup, le Réseau d'avertissement phytosanitaire pourrait tirer profit de ces outils pour améliorer la diffusion des informations auprès des producteurs.

En termes de transmission des connaissances vers le milieu pratique, il serait intéressant d'offrir une formation aux producteurs agricoles sur l'utilisation des outils génomiques pour orienter leur choix en matière de pratiques agroenvironnementales et de stratégies phytosanitaires. De plus, un soutien financier serait à considérer pour l'intégration de ces outils au sein des entreprises agricoles.

RECOMMANDATION 7

Promouvoir l'utilisation d'outils génomiques comme la PCR et la qPCR auprès des intervenants qui œuvrent sur le terrain et leur offrir de la formation adéquate.

RECOMMANDATION 8

Offrir aux producteurs agricoles intéressés une formation adéquate sur l'utilisation des outils génomiques et les soutenir financièrement pour l'intégration de ces outils dans leur entreprise.

3.4. Les avancées de la génomique en matière de biocontrôle

La majorité des pesticides utilisés en agriculture sont d'origine synthétique. L'utilisation répétée de quelques groupes de pesticides pour lutter contre certains ravageurs ou adventices a causé un phénomène de résistance chez des espèces nuisibles, ainsi que l'accumulation de résidus toxiques dans l'environnement (Nawaz *et al.*, 2016). Pour lutter contre les ravageurs résistants aux pesticides recensés chaque année partout dans le monde, il faut synthétiser de nouveaux pesticides. Cependant, pour plusieurs cultures, il devient de plus en plus difficile de développer de nouveaux produits (Borel, 2017).

Pour gérer cette situation, l'arrivée de biopesticides s'est avérée une alternative intéressante. Ceux-ci font maintenant partie de plusieurs programmes de lutte contre les espèces nuisibles. Ils sont élaborés à partir de bactéries, de champignons, d'algues, de virus, de nématodes et aussi de certains métabolites produits par ces microorganismes. (Lenteren, 2012). Actuellement, il y a environ 3 000 microbes qui peuvent causer des maladies aux insectes, dont 100 bactéries parmi lesquelles le *Bacillus thuringiensis* (BT) tient une place importante comme agent microbien (Nawaz *et al.*, 2016).

Les avantages reliés à l'utilisation des pesticides microbiens sont nombreux. Les agents bioactifs sont non toxiques pour l'environnement et la plupart ne sont pas pathogènes pour les organismes non visés. Ils n'ont donc pas d'effet sur les autres entités bénéfiques comme les insectes pollinisateurs ou les insectes prédateurs. Les biopesticides peuvent être utilisés en combinaison avec des insecticides de synthèse qui, dans la plupart des cas, ne désactivent pas leurs composantes. Parfois, les microorganismes qui constituent le biopesticide s'établissent dans l'écosystème : ils peuvent notamment favoriser la croissance des plantes en exerçant un effet bénéfique sur la microflore du sol pendant plusieurs saisons (Jindal *et al.*, 2013). Cependant, les biopesticides ne sont pas une panacée, car certains d'entre eux, par exemple le Bti pour contrôler les larves de moustique, ne sont pas sélectifs, pouvant ainsi générer des répercussions non négligeables sur l'environnement (Brühl *et al.* 2020).

L'élaboration de biopesticides reliée à l'utilisation des outils génomiques se fait principalement à partir de bactéries, de virus et de champignons. Les biopesticides viraux, par exemple ceux issus des baculovirus, présentent plusieurs avantages comme outils de contrôle des insectes nuisibles : ils n'ont pas d'effets néfastes sur les vertébrés et les plantes et se prêtent facilement à l'édition génétique. Toutefois, la vitesse lente avec laquelle ils détruisent les organismes ciblés leur confère un désavantage indéniable. Pour pallier ce problème, les outils génomiques ont permis l'insertion de gènes codant pour la fabrication d'enzymes, de toxines et d'hormones ciblant les insectes. (Gramkow *et al.*, 2010).

Comme pour les bactéries et les virus, il existe une grande variété de champignons connus pour leur effet insecticide. Contrairement aux bactéries et aux virus qui doivent être consommés par les organismes nuisibles, la toxicité des champignons entomopathogènes se manifeste au contact des conidies avec la cuticule des insectes. Ils nécessitent un recouvrement complet de l'insecte et du feuillage. Approximativement 80 % des champignons entomopathogènes font partie des genres *Metarhizium* et *Beauveria* (Butt *et al.*, 2016). Ils se retrouvent naturellement dans le sol de plusieurs habitats à travers le monde (Zimmerman, 2007). L'ingénierie génétique combinée à une meilleure compréhension de la pathogénicité des champignons et de leur écologie fournit des opportunités intéressantes pour augmenter l'efficacité et la rentabilité des mycoinsecticides en renforçant leur tolérance aux stress environnementaux et leur virulence (Lovett *et al.*, 2018).

Dans une approche plus holistique de prévention de la dégradation des agroécosystèmes, l'emploi de biostimulants est une stratégie qui améliore la biodiversité du sol. En effet, les biostimulants procurent au sol un environnement riche en toute sorte de macro et de microéléments via la fixation de l'azote, la solubilisation et la minéralisation du phosphore et du potassium, la libération de phytohormones, la production d'antibiotiques et la dégradation de la matière organique (Sinha *et al.*, 2014). Tous ces services sont issus des interactions entre les différentes communautés microbiennes qui entourent les racines. Ces microorganismes participent ainsi à des mécanismes permettant d'améliorer la biodisponibilité des nutriments, favorisant ainsi le développement des plantes.

Dans certains cas, les biostimulants sont composés de bactéries issues du génie génétique. En faisant appel aux différentes technologies de recombinaison de l'ADN, un ou plusieurs gènes peuvent être modifiés ou introduits à l'intérieur des bactéries. Ces bactéries modifiées peuvent, soit accomplir des fonctions que leurs souches parentales indigènes ne peuvent faire, soit être plus efficaces (Garcia-Fraile *et al.*, 2015). Plusieurs de ces souches fonctionnent bien en laboratoire ; en revanche, une fois soumises à des conditions naturelles au niveau du sol, elles échouent parfois dans leur rôle d'augmenter la productivité des plantes. Ce phénomène est attribuable au fait que les souches génétiquement modifiées qui composent les biostimulants ne peuvent pas interagir avec les microorganismes indigènes du sol afin d'obtenir les éléments

nutritifs essentiels à leur métabolisme (Garcia-Fraile *et al.*, 2015). Dans cette optique, il est possible, par exemple, d'introduire dans ces souches un gène isolé d'une autre bactérie favorisant le métabolisme du fer (chélation) (Joshi *et al.*, 2008). L'édition génétique est une avenue prometteuse pour la mise au point de biostimulants stables qui seraient compatibles avec un large éventail de sols et de plantes (Garcia-Fraile *et al.*, 2015).

RECOMMANDATION 9

Mettre en place de nouvelles stratégies de lutte biologique par l'identification ou la modification de certains microorganismes à l'aide des technologies de la métagénomique et de l'édition du génome.

3.5. L'amélioration et la valorisation de cultivars par la génomique dans une optique de réduction des pesticides

Le nombre croissant de pathogènes qui affectent les plantes fait en sorte qu'il devient nécessaire de développer des stratégies pour améliorer la résistance des cultures. Depuis quelques décennies, les outils génomiques permettent d'identifier rapidement les gènes souhaités ou indésirables, et de faire les croisements désirés pour obtenir des plantes plus résistantes aux divers ravageurs, notamment. Ces stratégies passent par l'intégration de la génomique dans les différents programmes d'amélioration des plantes. Les outils génomiques utilisés seront différents si la résistance est contrôlée par un, ou quelques gènes qui ont un effet marqué sur le trait phénotypique ou contrôlé par plusieurs gènes ayant un effet mitigé sur le même trait phénotypique, en occurrence la résistance à une maladie.

Des avancées importantes en biologie moléculaire ont ouvert la voie à l'élaboration de plantes transgéniques possédant de nouvelles propriétés génétiques. Leur utilisation s'est rapidement répandue à travers le monde ; citons, par exemple, le maïs, le soya, les pommes de terre, la tomate et le coton (Babu, 2003). Une étude publiée en 2014 démontre qu'une diminution notable de l'utilisation des pesticides (37 %), ainsi qu'un accroissement des rendements (22 %) a été observés à l'échelle globale à la suite de l'utilisation des plantes transgéniques (Klümper et Qaim, 2014). Cependant, en plus de soulever des considérations éthiques, les OGM ne conviennent pas à toutes les productions, notamment l'agriculture biologique, une approche agronomique en forte croissance à l'échelle de la planète. De plus, le manque de compréhension de ces nouvelles technologies par le grand public suscite une appréciation mitigée dans les pays développés comme le Canada (McFadden et Smyth, 2018).

Selon les experts consultés, le Québec fait très peu de développement variétal, incluant l'élaboration de plantes résistantes. C'est un processus en effet très coûteux qui s'échelonne sur une longue période de temps. Chaque année, beaucoup de nouveaux cultivars arrivent sur le marché, mais ils ne sont pas nécessairement axés sur la résistance aux maladies. En effet, les caractéristiques de meilleure performance ou de croissance rapide confèrent à ces cultivars un poids économique supérieur aux cultivars résistants. De plus, l'acquisition d'une résistance peut se faire au détriment d'autres caractéristiques intéressantes qui sont souvent valorisées auprès des consommateurs, comme la saveur ou autre propriété culinaire.

La science de la génomique peut soutenir les producteurs agricoles dans leur choix de cultivars ou de lignées. Choisir un cultivar adapté aux caractéristiques (mode de culture, type de sol, historique phytosanitaire...) de la ferme est un élément important à prendre en considération pour diminuer l'usage des pesticides. La caractérisation génétique des cultivars et des lignées bien adaptés au Québec pourrait aider les producteurs agricoles à choisir ce qui est le plus approprié dans leur contexte de production. En ce moment, les guides de semences sont fournis par les

compagnies qui les produisent. La création d'un guide indépendant pourrait permettre de compléter certaines informations visant à améliorer les régies de production. Un tel document permettrait d'offrir un éventail plus large de cultivars favorisant la biodiversité de la génétique des cultures et une diminution de l'utilisation des pesticides.

RECOMMANDATION 10

À l'aide d'outils dérivés de la génomique, mettre sur pied un guide de semences indépendant affichant une biodiversité phylogénétique bien adaptée aux différentes régions pédoclimatiques du Québec.

4. Les freins à l'utilisation des outils génomiques en agriculture

L'analyse microbienne comporte des avantages indéniables pour la compréhension de la dynamique des écosystèmes. Cependant, les coûts élevés de certains appareils, l'expertise requise pour l'analyse et l'interprétation des données, ainsi que les longs délais au niveau de la transmission des résultats font en sorte qu'il serait difficile, pour l'instant, de mettre en place un réseau de laboratoires d'analyses efficace. De plus, étant donné que les outils génomiques évoluent très rapidement, il devient souvent problématique d'obtenir l'expertise à l'interne pour une interprétation pointue des résultats.

RECOMMANDATION 11

Mettre en place un réseau de laboratoires public avec l'instrumentation et l'expertise requise pour offrir un service rapide d'analyses des résultats afin de soutenir une prise de décision adéquate.

La complexité se situe également au niveau de l'utilisation de certains outils sophistiqués et des approches spécifiques pour l'analyse de différents organismes. Le recours à des méthodes traditionnelles pour valider certains résultats issus de la génomique est chose courante ; la multiplication des tests qui s'ensuit provoque une augmentation considérable des coûts. Certaines technologies reliées à des tests spécifiques et souvent complexes nécessitent un investissement important, et, pour certains laboratoires, les ressources humaines ne sont pas suffisantes. Toutes ces contraintes peuvent donc influencer la mise en fonction d'analyses génomiques dans un laboratoire.

RECOMMANDATION 12

Favoriser la collaboration entre les différents groupes de chercheurs pour mettre en place des protocoles standards pour l'utilisation d'outils génomiques qui devront être suivis dans tous les laboratoires.

Malgré les avantages indéniables reliés à la métagénomique, cette discipline est souvent confrontée à un manque d'expertise pour l'interprétation des résultats. Cet outil moléculaire complexe permet de séquencer tout l'ADN présent dans une communauté et d'en révéler les composantes. Cependant, les variations observées au niveau des communautés microbiennes à la suite d'un stress environnemental (ex : pesticide) sont difficiles à interpréter en relation avec une fonctionnalité de l'écosystème. La précision du séquençage relié à cette méthode (métagénomique), jumelée à l'interprétation des bases de données, fait en sorte que l'analyse des

résultats nécessite une expertise pointue pas toujours disponible. Tous ces facteurs font en sorte qu'il y a un coût élevé associé à la technique. Dans un contexte simplifié, la métagénomique pourrait se prêter à une étude préliminaire globale pour identifier, dans un premier temps, les organismes qui réagissent aux pesticides. Par la suite, des outils génomiques plus simples comme la PCR pourraient être utilisés en ciblant les gènes d'intérêt déjà identifiés.

Un enjeu relié à cette discipline demeure par ailleurs l'accès aux bases de données. Certains organismes ou centres de recherche possèdent souvent des données pertinentes, mais celles-ci ne sont pas facilement accessibles aux autres groupes. Afin d'établir des bases de données précises et volumineuses, la collaboration entre les divers intervenants du milieu s'avère essentielle. Bien que les données génomiques brutes issues des recherches académiques sont disponibles dans des répertoires publics, leur accessibilité est fastidieuse. Malgré une tendance à un accès public de plus en plus libre à des bases de données, le partage de certaines informations d'ordre biologique, particulièrement, semble problématique.

RECOMMANDATION 13

Faciliter la collaboration entre les différents groupes de recherche pour la mise en place de bases de données d'accès public disponibles à tous les intervenants du milieu agricole.

5. Conclusion

En dépit de ses limites actuelles, les techniques moléculaires modernes ont permis une percée majeure dans la compréhension de la dynamique microbienne des écosystèmes. Elles nous permettent notamment de mieux saisir l'importance des menaces émanant des activités humaines en mesurant leurs impacts sur les communautés microbiennes (Birrer *et al.*, 2017). Ces approches moléculaires ont mis en lumière plusieurs facettes du fonctionnement des différentes espèces de microbes, auparavant inconnues, ce qui permet aujourd'hui d'effectuer une investigation plus poussée des effets des contaminants sur les écosystèmes (Gibson *et al.*, 2015).

Les avancées de la biologie moléculaire ont ouvert la voie à l'élaboration d'outils génomiques pouvant soutenir le secteur agricole dans ses défis phytosanitaires, notamment celui de faire un meilleur usage des pesticides. Comme présenté dans ce rapport, leurs applications sont multiples. Que ce soit pour identifier des pathogènes et leurs gènes de virulence ou pour faciliter le dépistage précoce à l'intérieur d'un programme de lutte intégrée, les outils génomiques peuvent s'intégrer aux actions déjà mises en place pour réduire l'usage des pesticides. La science de la génomique peut aussi contribuer à l'élaboration de cultivars plus résistants ou favoriser la mise au point de biostimulants et de biopesticides à travers le génie génétique. Enfin, les outils génomiques sont de grands alliés pour soutenir l'étude des agroécosystèmes. Ils peuvent notamment intervenir lors de la caractérisation des microorganismes présents dans les sols agricoles, la mise en place d'indicateurs biologiques appropriés pour l'évaluation de la qualité des sols ou la compréhension des mécanismes de dégradation des pesticides dans l'environnement.

Il ne faut toutefois pas considérer l'utilisation de ces outils comme une panacée. En effet, les outils génomiques permettent l'identification des gènes qui ont une fonction très précise pour en faire le suivi. Ils ne tiennent pas toujours compte de la dynamique de l'ensemble des écosystèmes. Les outils génomiques doivent donc s'inscrire dans une compréhension holistique de ces derniers. Ces outils doivent faire partie d'une gestion globale et intégrée de l'agriculture incluant notamment la rotation et le suivi des cultures, le recyclage des résidus des plantes, le biocontrôle de pathogènes et des insectes, et la sélection des cultivars.

6. Liste des références

- Abdelfattah, A., Malacrino, A., Wisniewski, M. Santa O. Cacciola, S. O., Schena, L. (2018). Metabarcoding: A powerful tool to investigate microbial communities and shape future plant protection strategies. *Biological Control*, 120,1-10.
- Alexandratos, N., et J. Bruinsma. (2012). World agriculture towards 2030/2050: the 2012 revision. *ESA Working paper* No. 12-03. FAO, Rome.
- Allison, S. D., Martiny, J.B.H (2008). Resistance, resilience, and *redundancy in microbial communities*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*,105,11512–11519.
- Andolfo, G., Lovieno, P., Frusciante, L. et Ercolano, M. R. (2016). Genome-Editing Technologies for Enhancing Plant Disease Resistance. *Front. Plant Sci.* doi: 10.3389/fpls.2016.01813
- Babu, R., Sajeena, M. A., Seetharaman, K., Reddy, M. S. (2003). Advances in genetically engineered (transgenic) plants in pest management—an over view. *Crop Protection*, 22, 1071-1086.
- Balint, M., et al., (2013). Hoest genotype shapes the foliar fungal microbiome of balsam poplar (*Populus balsamifera*). *PLoS ONE*, 8(1), 53987.
- Barnard, R., Leadley, P. W. et Hungate, B. A. (2005). Global change, nitrification, and denitrification: a review. *Global Biogeochemical Cycles*, 19.
- Berdy, B., Spoering, A. L., Ling, L. L. et Epstein, S. S. (2017). *In situ* cultivation of previously uncultivable microorganisms using the ichip, *Nature Protocols*, 12(10), 2232-2242.
- Birrer, S. C., Dafforn, K. A., and Johnston, E. L. (2017). Microbial community responses to contaminants and the use of molecular techniques, dans Cravo-Laureau, C., Cagnon, C., Lauga, B. ans Duran, R. (Eds.). *Microbial Ecotoxicology*, 165-183. Cham, Switzerland: Springer, Springer Nature. https://doi.org/10.1007/978-3-319-61795-4_8
- Brasier, C.M. (2008). The biosecurity threat to the UK and global environment from international trade in plants. *Plant. Pathol.* 57, 792-808.
- Brühl, C. A., Després, L., Frör, O., Patil, C. D., Poulin, B., Tetreau, G., Allgeier, S. (2020). Environmental and socioeconomic effects of mosquito control in Europe using the biocide *Bacillus thuringiensis* subsp. *israelensis* (Bti). *Science of The Total Environment*, 137800. doi:10.1016/j.scitotenv.2020.137800
- Borel, B. (2017). When the pesticides run out. *Nature*, 543, 302-304.
- Butt, T. M., Coates, C. J., Dubovskiy, I. Mand Ratcliffe, N. A. (2016). Entomopathogenic fungi: new insights into host-pathogen interactions, dans *Advances in Genetics*, ed. by Lovett B, St. Leger RJ. Elsevier, London, pp. 307-364.
- Carles, L. (2016) Devenir de mélanges de pesticides : étude des voies de biodégradation et développement d'une méthode préventive de bioremédiation. Thèse de doctorat en sciences agricoles. Université Blaise Pascal-Clermont-Ferrand II, France.
- Carvalho, F. P. (2006). Agriculture, pesticides, food security and food safety. *Environ. Sci. Policy*, 9,685-692.
- Carvalho, F. P. (2017). Pesticides, environment, and food safety. *Food and Energy Security*, 6(2), 48-60.
- Chaplin-Kramer, R., Sharp, R.P., Weill, C., Bennett, E.M., Pascual, U., Arkema, K.K., Brauman, K.A., Bryant, B.P., Guerry, A.D., Haddad, N.M., Hamann, M., Hamel, P., Johnson, J.A., Mandle, L., Pereira, H.M., Polasky, S., Ruckelshaus, M., Shaw, M.R., Silver, J.M., Vogl, A.L., Daily, G.C. (2019). Global modeling of nature's contributions to people. *Science*, 366, 255-258.
- Chi-Chu, L. (2010), Effect of pesticides on soil microbial community. *Journal of Environmental Science and Health*, Part B, 45 (5), 348-359.
- Comtet, T., Sandionigi, A., Viard, F., Casiraghi, M. (2015). DNA (meta) barcoding of biological invasions: a powerful tool to elucidate invasion processes and help managing aliens. *Biol. Invasions*, 17, 905-922.
- Delcour, I., Spanoghe, P., Uyttendaele, M. (2015). Literature review: impact of climate change on pesticide use. *Food Res. Int.*, 68, 7-15.

- Dequiedt, S., Saby, N. P. A., Lelievre, M. et al. (2011). Biogeographical patterns of soil molecular microbial biomass as influenced by soil characteristics and management. *Glob. Ecol. Biogeogr.* 20, 641-652.
- Edge, K. J., Dafforn, K. A., Simpson, S. L. et al. (2015). Resuspended contaminated sediments cause sublethal stress to oysters: a biomarker differentiates total suspended solids and contaminant effects. *Environ. Toxicol. Chem.*, 34, 1345-1353.
- Epstein, S. S. (2013). The phenomenon of microbial uncultivability. *Curr. Opin. Microbiol.* 16, 636-42.
- Feld, L., Hjelmso, M. H., Nielsen, M. S., Jacobsen, A. D., Ronn, R., Ekelund, F., Krogh, P. H., Strobel, B. W., Jacobsen, C. S. (2015). Pesticide side effects in an agricultural soil ecosystem as measured by amoA expression quantification and bacterial diversity changes. *PLoS ONE*, 10, e0126080.
- Gao, Y., Chen, S. H., Hu, M. Y., Hu, Q. B., Luo, J. J., Li, Y. N. (201). Purification and characterization of a novel chlorpyrifos hydrolase from *Cladosporium cladosporioides* Hu-01. *PLoS ONE*. 7, e38137
- Garbarino, J. R., Snyder-Conn, E., Leiker, T. J. et Hoffman, G. L. (2002). Contaminants in arctic snow collected over northwest Alaskan sea ice. *Water Air Soil Pollut.* 139, 183–214.
- Garcia-Fraile, P., Menendez, E., Rivas, R., (2015). Role of bacterial biofertilizers in agriculture and forestry; *AIMS Bioengineering.* 2(3), 183-205.
- Gibson, J. F., Shokralla, S., Curry, C. et al. (2015) Large-scale biomonitoring of remote and threatened ecosystems via high-throughput sequencing. *PLoS ONE*, 10, e0138432.
- Goddard, E., Muringai, V., et Boaitay, A. (2018). Food Integrity and Food Technology Concerns in Canada: Evidence from Two Public Surveys. *Journal of Food Quality*, 2018, 1–12. doi:10.1155/2018/2163526
- Gramkow, A. W., Perecmanis, S., Sousa, R. L. B., Noronha, E. F., Felix, C. R., Nagata, T. et al. (2010). Insecticidal activity of two proteases against *Spodoptera frugiperda* larvae infected with recombinant baculoviruses. *Virology*, 29(7), 43.
- Huang Y., Xiao L., Wu Z. (2018). Microbial Degradation of Pesticide Residues and an Emphasis on the Degradation of Cypermethrin and 3-phenoxy Benzoic Acid: A Review. *Molecules*, 11(23), 9.
- Hussain, S., Siddique, T., Saleem, M., Arshad, M. et Khali, A. (2009). Impact of Pesticides on Soil Microbial, Diversity, Enzymes, and Biochemical Reactions. *Advances in Agronomy*, 102, 159-200.
- Imfeld, G., Vuilleumier, S. (2012). Measuring the effects of pesticides on bacterial communities in soil: A critical review. *European Journal of Soil Biology.* 49, 22-30.
- Lovett, B. et St. Leger, R. J., (2018). Genetically engineering better fungal biopesticides. *Pest Manag. Sci.*, 74, 781-789.
- Jamieson, A. J., T. Malkocs, S. B. Piertney, T. Fujii, et Z. Zhang. (2017). Bioaccumulation of persistent organic pollutants in the deepest ocean fauna. *Nat. Ecol. Evol.* 1, 0051.
- Ji, X., Zhang, H., Zhang, Y., Wang, Y., et Gao, C. (2015). Establishing a CRISPR-Cas-like immune system conferring DNA virus resistance in plants. *Nat. Plants*, 1, 15144. doi: 10.1038/nplants.2015.144.
- Jindal, V., Dhaliwal, G. S., Koul, O. (2013). Pest Management in 21st century: Roadmap for future. *Biopestic. Int.* 9 (1), 1-22.
- Johnsen, K., Jacobsen, C. S., et Torsvik, V. (2001). Pesticides effects on bacterial diversity in agricultural soils—A review. *Biol. Fertil. Soils* 33, 443-453.
- Johnston, E. L., Mayer-Pinto, M., Crowe, T. P. (2015). REVIEW: chemical contaminant effects on marine ecosystem functioning. *J. Appl. Ecol.*, 52, 140-149.
- Joshi F., Chaudhari A., Joglekar P., et al. (2008). Effect of expression of Bradyrhizobium japonicum 61A152 fegA gene in Mesorhizobium sp., on its competitive survival and nodule occupancy on *Arachis hypogea*. *Appl. Soil Ecol.*, 40, 338-347.
- Karpouzias, D. G., Tsiamis, G., Trevisan, M., Ferrari, F., Malandain, C., Sibourg, O., Martin-Laurent, F. (2016). Love to hate pesticides: felicity or curse for the soil microbial community? *Environ. Sci. Pollut. Res.*, 23, 18947-18951.

- Kinsella, C. M., Crowe, T. P. (2016). Separate and combined effects of copper and freshwater on the biodiversity and functioning of fouling assemblages. *Mar. Pollut. Bull.*, 107, 136-143.
- Klümper, W. et Qaim, M. (2014). A Meta-Analysis of the Impacts of Genetically Modified Crops. *PLoS ONE*, 9, e111629.
- Kumar S., Kaushik G., Dar M.A., Nimesh S., L'opez-Chuken U. J., Villarreal-Chiu J. F. (2018). Microbial Degradation of Organophosphate Pesticides: A Review. *Pedosphere.*, 28(2), 190-208.
- Schipper, L. A., Degens, B. P., Sparling, G. P., Duncan, L.C. (2001). Changes in microbial heterotrophic diversity along five plant successional sequences. *Soil Biol. Biochem.*, 33, 2093-2103.
- Lerch, T. Z., Dignac, M. F., Nunan, N., Barriuso, E., Mariotti, A. (2009). Ageing processes and soil microbial community effects on the biodegradation of soil 13C-2,4-D nonextractable residues. *Environ. Pollut.*, 157, 2985-2993.
- Lewis, S. E., Brodie, J. E., Bainbridge, Z. T., Rohde, K. W., Davis, A. M., Masters, B. L. et al. (2009). Herbicides: a new threat to the Great Barrier Reef. *Environ. Pollut.*, 157, 2470-2484.
- Carles, L. (2016). Devenir de mélanges de pesticides : étude des voies de biodégradation et développement d'une méthode préventive de bioremédiation. Sciences agricoles. Université Blaise Pascal-Clermont-Ferrand II, France.
- Feld, L., Hjelmsø, M. H., Nielsen, M. S., Jacobsen, A. D., Rønn, R., Ekelund, F., Krogh, P. H., Strobel, B. W., Jacobsen, C. S (2015). Pesticide Side Effects in an Agricultural Soil Ecosystem as Measured by amoA Expression Quantification and Bacterial Diversity Changes, *PLoS ONE*. doi:10.1371/journal.pone.0126080
- Massart, S., Martinez-Medina, M., Jijakli, M.H., (2015). Biological control in the microbiome era: challenges and opportunities. *Biol. Control*, c89, 98-108.
- McFadden, B. R. et Smyth, S. J. (2018). Perceptions of Genetically Engineered Technology in Developed Areas. *Trends in Biotechnology*. doi:10.1016/j.tibtech.2018.10.006
- McKnight, U. S., Rasmussen, J. J., Kronvang, B., Binning, P. J. et Bjerg, P. L. (2015). Sources, occurrence and predicted aquatic impact of legacy and contemporary pesticides in streams. *Environ. Pollut.*, 200, 64-76.
- Mendes, R., Garbeva, P., Raaijmakers, J. M. (2013). The rhizosphere microbiome: significance of plant beneficial plant pathogenic and human pathogenic microorganisms. *FEMS Microbiol Rev*, 37, 634-663.
- Muringai, V., Fan, X, Goddard, H. (2020). Canadian consumer acceptance of gene-edited versus genetically modified potatoes: A choice experiment approach. *Canadian Agricultural Economics Society*, 68, 47-63.
- Nawaz, M., Mabubu, J. I., Hua, H. (2016). Current status and advancement of biopesticides: Microbial and botanical pesticides, *Journal of Entomology and Zoology Studies*, 4(2), 241-246.
- Nøstbakken, O., Hove, H., Duinker, A., Lundebye, A., Berntssen, M., Hannisdal, R. et al. (2015). Contaminant levels in Norwegian farmed Atlantic salmon (*Salmo salar*) in the 13-year period from 1999 to 2011. *Environ. Int.* 74, 274-280.
- Crouzet, O., Poly, F., Bonnemoy, F., Bru, D., Batisson, F., Bohatier, J., Philippot, L. et Mallet, L (2016). Functional and structural responses of soil N-cycling microbial communities to the herbicide mesotrione: a dose-effect microcosm approach; *Environ Sci Pollut Res*, 23, 4207-4217.
- Philippot, L. et Hallin, S. (2005). Finding the missing link between diversity and activity using denitrifying bacteria as a model functional community. *Curr. Opin. Microbiol.* 8, 234-239.
- Puglisi, E., Vasileiadis, S., Demiris, C., Bassi, D., Karpouzas, D. G., Capri, E., et al. (2012). Fungicides impact on the diversity and function of nontarget ammonia oxidizing microorganisms residing in a litter soil cover. *Microb. Ecol.*, 64, 692-701.
- Rand, G. (1995). Fundamentals of aquatic toxicology: effects, environmental fate and risk assessment. CRC Press, Boca Raton, Florida, USA.

- Rappé, M. S. et Giovannoni, S. J. (2003). The uncultured microbial majority. *Annu. Rev. Microbiol.*, 57, 369–94.
- Santos, V. B., Araujo, S. F., Leite, L. F., Nunes, L. A., Melo, J. W. (2012). Soil microbial biomass and organic matter fractions during transition from conventional to organic farming systems. *Geoderma*, 170, 227-231.
- Reeves, W. R., McGuire, M. K., Stokes, M., Vicini, J. L. (2019). Assessing the Safety of Pesticides in Food: How Current Regulations Protect Human Health. *Advances in Nutrition*. doi:10.1093/advances/nmy061
- Sanzani, S.M., Li Destri Nicosia, M.G., Faedda, R., Cacciola, S.O., Schena, L., (2014). Use of quantitative PCR detection methods to study biocontrol agents and phytopathogenic fungi and oomycetes and in environmental samples. *J. Phytopathol.*, 162, 1-13.
- Scanes, P., Coade, G., Doherty, M., Hill, R. (2007). Evaluation of the utility of water quality-based indicators of estuarine lagoon condition in NSW, Australia. *Estuar. Coast Shelf. Sci.*, 74, 306-319.
- Schultz, P., et Urban, N. R. (2008). Effects of bacterial dynamics on organic matter decomposition and nutrient release from sediments: A modeling study. *Ecol. Model.*, 210, 1-14.
- Sinha, R. K., Valani, D., Chauhan, K., Agarwal, S. (2014). Embarking on a second green revolution for sustainable agriculture by vermiculture biotechnology using earthworms: reviving the dreams of Sir Charles Darwin. *Int. J. Agric. Health Saf.*, 1, 50-64.
- Sun, M. Y., Dafforn, K. A., Brown, M. V., Johnston, E. L. (2012). Bacterial communities are sensitive indicators of contaminant stress. *Mar. Pollut. Bull.*, 6, 1029-10.
- Tang, W. (2018). Research Progress of Microbial Degradation of Organophosphorus Pesticides. *Prog. Appl. Microbiol.*, 29-35.
- Taylor, M. D., Klaine, S. J., Carvalho, F. P., Barcelo, D. et Everaarts, J. (Eds) (2003). Pesticide residues in coastal tropical ecosystems. Distribution, fate and effects. Taylor & Francis Publ., CRC Press, London. 576 pp.
- Torsvik, V., Goksoyr, J. et Daae, F. L. (1990). High diversity in DNA of soil bacteria. *Appl. Environ. Microbiol.*, 56, 782–787.
- UN (2015). United Nations, Department of Economic and Social Affairs, Population Division. World Population Prospects: The 2015 Revision, Key Findings and Advance Tables. Working Paper No. ESA/P/WP.241. United Nations, New York.
- Valcke, M., Bourgault, M.-H., Rochette, L., Normandin, L., Samuel, O., Belleville, D., ... Phaneuf, D. (2017). Human health risk assessment on the consumption of fruits and vegetables containing residual pesticides: A cancer and non-cancer risk/benefit perspective. *Environment International*, 108, 63–74. doi:10.1016/j.envint.2017.07.023
- Wang, M. C., Gong, M., Zang, H. B., Hua, X. M., Yao, J., Pang, Y. J., et Yang, Y. H. (2006). Effect of methamidophos and urea application on microbial communities in soils as determined by microbial biomass and community level physiological profiles. *J. Environ. Sci. Health B*, 41, 399-413.
- Wessen, E. et Hallin, S. (2011). Abundance of archaeal and bacterial ammonia oxidizers—possible bioindicator for soil monitoring. *Ecol. Indic.*, 11, 1696-1698.
- Zimmerman, G. (2007). Review on safety of the entomopathogenic fungi *Beauveria bassiana* and *Beauveria brongniartii*. *Biocontrol Sci. Technol.*, 17 (6), 553-596.