

DÉFINITION ET DÉVELOPPEMENT D'OUTILS PERMETTANT L'IDENTIFICATION DE GÉNOTYPES ASSOCIANT RÉSISTANCE AUX PATHOGÈNES & EFFICIENCE D'UTILISATION DE L'AZOTE

MODÈLE: *SOLANUM TUBEROSUM* X *PHYTOPHTHORA INFESTANS* X AZOTE



F. Ben Abdallah^a, S. Mauro^a
Y. muhovski^a, A. Soete^a
V. César^a, J.-L. Rolot^a
D. Vincke^a, P. Vermeulen^a
G. San Martin^a, G. Rousseau^a
D. Vertommen^b
N. Gillard^c et S. Osorio Algar^d
^a CRA-W, ^b UCL, ^c CER
Groupe^d University of Malaga

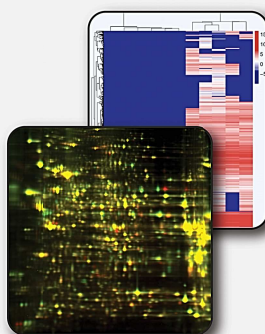
CONTEXTE

L'agriculture moderne nécessite de disposer de modes de production dans lesquels les innovations variétales doivent acquérir les propriétés permettant de valoriser les éléments de fertilisation et de réduire l'emploi des pesticides

OBJECTIF

Disposer d'un outil d'aide à la sélection de génotypes de pommes de terre associant résistance à *P. infestans* et efficacité d'utilisation de l'azote

PROTÉOMIQUE ET TRANSCRIPTOMIQUE



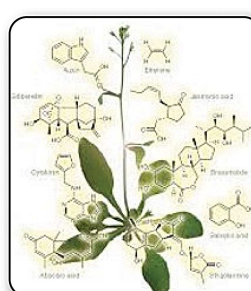
Résolution du protéome et transcriptome foliaire pour l'interaction pathogénicité et efficacité de l'utilisation de l'azote
Intégration d'une résistance métabolique

RESSOURCES GÉNÉTIQUES



Mise à disposition du matériel biologique : souches de *P. infestans* caractérisées génotypiquement et matériel végétal de pomme de terre issus du programme de sélection et d'amélioration

MÉTABOLOMIQUE



Identification et caractérisation des variations du métabolome de pommes de terre résistantes ou sensibles à *P. infestans* en présence de différentes doses d'azote

PHÉNOMIQUE



Définition des indicateurs de résistance et d'efficacité à l'échelle de la feuille ou de la canopée

ALGORITHME DE PRÉDICTION

Comparaison des données de protéomique, de transcriptomique, de métabolomique et phénoquiques dans leur capacité à prédire les traits phénotypiques d'intérêt : résistance au mildiou et utilisation des fertilisants