

République Algérienne Démocratique et Populaire
Ministère de la Recherche et L'enseignement Supérieur
Université Saad Dahleb Blida 1



Faculté Des Sciences De la Nature Et De La Vie
Département De Biotechnologie Et Agro-écologie

Mémoire de Fin de Cycle
En vue de l'obtention du diplôme
Master
Filière : Biotechnologie
Spécialité : Biotechnologie microbienne
Intitulé

**Outil d'Aide au Diagnostic et à la Surveillance de
Cultures : cas du Mildiou de la Pomme de Terre**

Présenté par

ABDELLAH BOUALEM

CHABANE AMIRA

Jury d'évaluation :

Pr. KHALI M

Président

U BLIDA1

MCA. BENOUSSAID N

Examinatrice

U BLIDA1

Pr. BENCHABANE M

Promoteur

U BLIDA1

MAA. AROUSSI S

Co-promotrice

U BLIDA1

2023/2024

Remerciements

L'expression de nos vifs remerciements vont à notre promoteur Monsieur le Pr.

***BENCHABANE M** pour avoir assuré l'encadrement de ce mémoire. Depuis les premiers instants, sa pédagogie, ces connaissances, son écoute, et son ouverture d'esprit ont largement contribué à l'évolution de cette étude.*

*Nos vifs remerciements s'adressent également à notre Co-promotrice Mme. **AROUSSE S.** pour son aide, sa gentillesse, sa patience et sa disponibilité.*

Nos sincères remerciements vont aux membres du jury :

*Monsieur **KHALI M** de nous avoir fait un immense honneur en acceptant de présider le jury.*

*Madame **BENOUSSEDE N.** de nous avoir accordé le temps et la patience pour évaluer notre humble travail.*

*Nos vifs remerciements à monsieur **ABDERRAMANE O** pour sa générosité et pour son aide.*

إهداء

الحمد لله الذي بنعمه تتم الصالحات اهدي عملي هذا الي والديا، امي خديجة عواق التي أرنتي نور الحياة بعينها فبقيت أستظل بدعائها أمي الحبيبة الحنونة الغالية أمدھا هلا بالصحة و العافية، وأبي العزيز عبد الله محمد ،الذي رباني صغير وأرشدني إلى طريق العلم والخير كبيرا اللذان لولا الله ثم بفضل والديا الذين حرصوا على تحصيلي للعلم لما وصلت للمرحلة الذي انا فيها الان وقد كان الوسط العلمي الذي تربيت فيه حافزا كبيرا للدراسة ومواصلة دراستي إلى من هم أقرب إلى من روعي إخوتي اخي رضوان وفادية وخديجة وايمان وكل من كان مشاركا وساعد في إتمام هذا الفرح المتوج بتخرجي بشهادة الماستر2 وكل من الفريق البيداغوجي وهيئة التدريس وهيئة المساعدين المشاركين في الاطروحة والفكرة

راجيا من الله تعالى ان يتقبل هذا العمل .

Dédicaces

Louange à Dieu, par la grâce duquel les bonnes actions sont accomplies, je dédie mon œuvre à mes parents.

Ma mère Aouak Khadidja, qui m'a montré la lumière de la vie de ses propres yeux, j'ai donc continué à chercher de l'ombre dans ses prières. Ma mère bien-aimée, tendre et précieuse, que Dieu lui accorde une bonne santé et un bien-être.

Et mon cher père Abdellah Mohamed (Abderazak), qui m'a élevé quand j'étais jeune et m'a guidé vers le grand chemin de la connaissance et du bien, qui sans Dieu et ensuite grâce à mes parents qui ont tenu à ce que j'obtienne la connaissance, je n'aurais pas atteint le stade où je me trouve maintenant.

A ceux qui sont plus proches de moi que mon âme, mes frères, DR. ABDELLAH KHADIDJA, DR. ABDELLAH FADIA. Ingénieur ABDELLAH Redaoune et ingénieur.

ABDELLAH BOUALEM

A Mes Très chers Parents

Je dédie ce mémoire à mes parents, pour l'amour qu'ils m'ont toujours donné, leurs encouragements et toute l'aide qu'ils m'ont apportée durant mes études.

Aucun mot, aucune dédicace ne pourrait exprimer mon respect, ma considération, et mon amour pour les sacrifices qu'ils ont consentis pour mon instruction et mon bien-être.

A maman chérie, tu seras toujours la lumière qui éclaire mon chemin, et m'emmène vers la réussite. C'est grâce à toi que j'ai atteint ce niveau et que je dois toute ma réussite. Et à mon cher père dont le courage et l'éducation ont fait de moi ce que je suis.

Trouvez ici, chère mère et cher père, dans ce modeste travail, le fruit de tant de dévouements et de sacrifices ainsi que l'expression de ma gratitude et de mon profond amour.

Que Dieu leur accorde santé, bonheur, prospérité et longue vie afin que je puisse un jour combler de joie leurs vieux jours.

E.H.A.B.A.N.E Amira

Résumé

En Algérie, la pomme de terre est la principale source d'amidon non céréalière dont la production à atteint plus de 5 millions de tonnes en 2019. Cette culture est sous la menace permanente du mildiou, causé par *Phytophthora infestans* qui a engendré des pertes très dommageables aux agriculteurs, sans omettre les cycles épidémiques déjà enregistrés. Même avec le développement des méthodes de lutte en pathologie végétale, cette maladie est toujours difficile à contrôler, notamment en conditions pédoclimatiques favorables, telles que les conditions de sa culture dans les régions algériennes. Les techniques de diagnostic classiques, avec l'application de fongicides chimiques, sont les moyens prépondérants dans les stratégies de lutte, mais leur efficacité est relative avec la précision du diagnostic symptomatologique précoce et en temps opportun. L'objectif de notre travail est d'apporter notre contribution, en exploitant les symptômes typiques du mildiou de la pomme de terre pour développer un outil informatisé d'aide à la décision. En collaboration avec le département d'informatique, nous avons élaboré un outil d'aide au diagnostic qui permet un diagnostic plus rapide et précoce des premiers foyers d'infection, en saisissant des données, sous forme d'images numériques de symptômes typiques en temps réel, accompagnées par des données météorologiques. La comparaison entre les outils et WEKA a révélé que l'outil « Image and Data Prediction » présente des performances aussi fiables et efficaces qu'avec l'outil GNU WEKA pour la plupart des modèles entraînés. En effet, cet outil a permis de diagnostiquer tous les niveaux d'infection, y-compris les premiers foyers d'infection avec la meilleure précision enregistrée pour le modèle arbre de décision (97,5%), et la plus mauvaise précision pour le modèle réseau bayésien naïf (15%). Donc, le diagnostic précoce et la mise en place de dispositifs de veille sont actuellement des éléments incontournables pour la maîtrise et le contrôle de cette pathologie végétale. Les résultats de ce travail certainement nécessitent plus d'approfondissement, d'entraînement et de reproductibilité, néanmoins sont des atouts qui s'intègrent dans les conduites agronomiques modernes, favorisant des pratiques agricoles, notamment en termes de diagnostic et de lutte d'une agriculture raisonnée, et de précision avec des concepts de l'intelligence artificielle.

Mots clés : Mildiou, *Phytophthora infestans*, diagnostic, lutte, Outil d'aide à la décision.

Abstract

In Algeria, the potato is the main source of non-cereal starch, the production of which reached more than 5 million tons in 2019. This crop is under constant threat from late blight, caused by *Phytophthora Infestans*, which has caused very damaging losses to farmers, not to mention the epidemic cycles already recorded. Even with the development of control methods in plant pathology, this disease is still difficult to control, especially in favorable pedoclimatic conditions, such as the conditions of its cultivation in the Algerian regions. Conventional diagnostic techniques, with the application of chemical fungicides, are the predominant means in control strategies, but their effectiveness is relative with the accuracy of early and timely symptomatological diagnosis. The objective of our work is to make our contribution, by exploiting the typical symptoms of potato late blight to develop a computerized decision-making tool. In collaboration with the computer science department, we have developed a diagnostic support tool that allows for faster and earlier diagnosis of the first infection outbreaks, by capturing data in the form of digital images of typical symptoms in real time, accompanied by meteorological data. The comparison between the tools and WEKA revealed that the “Image and Data Prediction” tool presents performances as reliable and efficient as with the GNU WEKA tool for most of the trained models. Indeed, this tool made it possible to diagnose all levels of infection, including the first infection outbreaks with the best accuracy recorded for the decision tree model (97.5%), and the worst accuracy for the naive Bayesian network model (15%). Therefore, early diagnosis and the implementation of monitoring devices are currently essential elements for the control and monitoring of this plant pathology. The results of this work certainly require more in-depth study, training and reproducibility, nevertheless are assets that are integrated into modern agronomic practices, promoting agricultural practices, particularly in terms of diagnosis and control of reasoned agriculture, and precision with percepts of artificial intelligence.

Keywords: Mildew, *Phytophthora infestans*, diagnosis, control, Decision support tool.

في الجزائر، تعد البطاطس المصدر الرئيسي للنشا غير الحبوبى، حيث وصل إنتاجها إلى أكثر من 5 ملايين طن في عام 2019. ويتعرض هذا المحصول لتهديد دائم من اللقحة المتأخرة التي تسببها فطر *Phytophthora Infestans* التي تسببت في خسائر فادحة للغاية للمزارعين، دون أن ننسى الدورات الوبائية المسجلة بالفعل. وحتى مع تطور طرق مكافحة أمراض النبات، لا يزال من الصعب السيطرة على هذا المرض، خاصة في الظروف المناخية المواتية، مثل ظروف زراعته في المناطق الجزائرية. تعد تقنيات التشخيص الكلاسيكية، مع استخدام مبيدات الفطريات الكيميائية، هي الوسيلة السائدة في استراتيجيات مكافحة، ولكن فعاليتها مرتبطة بدقة تشخيص الأعراض المبكر وفي الوقت المناسب. الهدف من عملنا هو تقديم مساهمتنا، من خلال استغلال الأعراض النموذجية لمرض لقحة البطاطس المتأخرة لتطوير أداة محوسبة لدعم القرار. بالتعاون مع قسم تكنولوجيا المعلومات، قمنا بتطوير أداة دعم تشخيصية تتيح تشخيصاً أسرع وأسبق لبؤر الإصابة الأولى، عن طريق إدخال البيانات في شكل صور رقمية للأعراض النموذجية في الوقت الفعلي، مصحوبة ببيانات الأرصاد الجوية. كشفت المقارنة بين الأدوات و WEKA أن أداة "تنبؤ الصور والبيانات" تقدم أداءً موثوقاً وفعالاً كما هو الحال مع أداة GNU WEKA لمعظم النماذج المدربة. وبالفعل، أتاحت هذه الأداة تشخيص جميع مستويات الإصابة، بما في ذلك بؤر الإصابة الأولى بأفضل دقة مسجلة لنموذج شجرة القرار (97.5%)، وأساء دقة لنموذج الشبكة البايزية الساذجة (15%). ولذلك، يعد التشخيص المبكر وتنفيذ أنظمة المراقبة حالياً عناصر أساسية لإتقان ومراقبة أمراض النبات هذه. من المؤكد أن نتائج هذا العمل تتطلب المزيد من التدريب المتعمق والقابلية للتكرار، ومع ذلك فهي أصول مدمجة في الممارسات الزراعية الحديثة، وتفضل الممارسات الزراعية، لا سيما فيما يتعلق بالتشخيص والسيطرة على الزراعة، والدقة في تصورات الذكاء الاصطناعي.

الكلمات المفتاحية: البياض الزغبي، *Phytophthora infestans*، التشخيص، مكافحة، أداة دعم القرار.

Table des matières

Résumé6

Liste de Figures.....12

Liste des Tableaux.....13

Introduction15

I.1. Généralités sur le mildiou de la pomme de terre19

 I.1. 1Agent causal.....19

 I.1.2. Caractéristiques morphologiques de *P. infestans*19

 I.1.3. Cycle biologique et développement du mildiou20

 I.1.4. Principaux symptômes du mildiou de la pomme de terre22

 I.1.5. Conditions favorables au développement du mildiou24

 I.1.6. Stratégies de lutte24

I.2. Outils de diagnostic en phytopathologie25

 I.2.1. Diagnostic généraliste25

 I.2.2. Diagnostic au laboratoire.....26

 I.2.3. Techniques de diagnostic classique.....26

 I.2.3.1. Isolement sur milieu de culture.....26

 I.2.3.2. Tests *in planta*26

 I.2.3.3. Tests sérologiques et enzymatiques27

 I.2.3.4. Analyses moléculaires27

 I.2.4. Techniques de diagnostic moderne28

 I.2.4.1. Imagerie hyper-spectrale.....28

 I.2.4.2. Les biosenseurs29

 I.2.4.3. Apprentissage automatique (Machine Learning) :30

Partie II- Matériels et Méthodes33

II.1. Méthodologie de travail	33
II.2. Collecte de données et échantillonnage	33
II.2.1 Dataset 1	34
II.2.2. Dataset 2	34
II.2.3. Détermination des niveaux de la maladie.....	35
II.2.4. Détermination des attributs associés à l’image.....	36
II.2.5. Construction des datasets	37
II.3. Prétraitement du dataset	41
II.4. Entraînement des modèles.....	43
II.5. Outils d’aide au diagnostic ML	44
II.5.1. Plate-forme weka	44
II.5.2. Outil d’aide au diagnostic « Image Prédiction ».....	45
II.5.3. Outil d’aide au diagnostic « Image And Data Prediction ».....	46
Partie III. Résultats et discussion.....	50
III.1. Résultats.....	50
III.1.1. Datasets Réalisés	50
III.1.2. Paramètres de performances	50
III.1.3. Application des outils d’aide au diagnostique.....	52
III.1.3.1. Application de l’outil « WEKA »	52
III.1.3.2. Application de l’outil « Image prediction »	53
III.1.3.3. Application de l’outil « Image and Data Prediction ».....	53
III.2. Discussion.....	54
Conclusion.....	59
Références bibliographiques	62
Annexes	67

Liste de Figures

Figure 1. Caractéristiques morphologiques de <i>P. infestans</i>	20
Figure 2. Cycle de développement du mildiou de la pomme de terre et de la tomate causé par <i>P. infestans</i>	21
Figure 3. Description du développement de <i>P. infestans</i>	22
Figure 4. Symptomatologie du mildiou de la pomme de terre en plein champ.....	23
Figure 5. Division de la deuxième partie.....	33
Figure 6. Photos de plantation de pomme de terre infectées par le mildiou.....	35
Figure 7. Technique de recadrage pour augmentation utilisée.	40
Figure 8. Dataset 1 final nettoyé sur Excel.....	43
Figure 9. Processus d'entraînement de modèles de ML avec dataset 1.	43
Figure 10. L'interface de l'outil Entraînement.	43
Figure 11. L'interface de la plateforme WEKA.....	44
Figure 12. Entraînement du modèle trees..J48.....	45
Figure 13. Interface de l'outil « Image Prédiction ».	46
Figure 14. Exemple de résultat de prédiction obtenu par l'outil « Image Prédiction ».	46
Figure 15. L'interface de l'outil « Image And Data Prediction ».	47
Figure 16. Exemple de résultats de prédiction obtenu par l'outil « Image And Data Prediction ».	48

Liste des Tableaux

Tableau 1. Clef d'évaluation du mildiou de la pomme de terre..	35
Tableau 2. Exemple de feuilles niveau 1.....	38
Tableau 3. Exemples de feuilles niveau 2.	38
Tableau 4. Exemples de feuilles niveau 3.	39
Tableau 5. Exemple de feuilles niveau 4.....	39
Tableau 6. Exemples de feuilles niveau 5.	40
Tableau 7. Exemple du dataset 2.....	41
Tableau 8. Codification des données.....	41
Tableau 9. Composition des datasets.	50
Tableau 10. Modèles de classification supervisée.	51
Tableau 11. Paramètres de performances	52
Tableau 12. Exemples de résultats de classification WEKA.....	52
Tableau 13. Exemple de diagnostic de l'outil « Image prediction ».....	53
Tableau 14. Exemple de diagnostic de l'outil « Image and Data Prediction ».....	53

Introduction

Introduction

La pomme de terre (*Solanum tuberosum L.*) est considérée, à l'échelle mondiale, comme la quatrième culture la plus produite après le blé, le riz et le maïs. Avec plus de 20 millions d'hectares cultivés, la production de ce tubercule a atteint plus de 448 millions de tonnes dans 150 pays (FAOSTAT, 2020).

En Algérie, la pomme de terre est la principale source d'amidon, non céréalière, dans notre régime alimentaire. La production de ce féculant a considérablement augmenté au cours de la dernière décennie, passant de 1,2 million de tonnes en 2010 à plus de 5 millions de tonnes en 2019, récoltées sur une superficie de 157 846 hectares (FAOSTAT, 2020). La quasi-totalité de cette production est destinée à la consommation locale. Ce niveau relativement élevé de production est le fruit des efforts combinés de l'État, à travers les programmes de soutien au développement et à l'organisation de cette filière (Syrpalac), en collaboration avec les agriculteurs et leur expansion dans les régions intérieures et même au sud du pays. En raison de la demande croissante en pommes de terre tout au long de l'année, cette filière est devenue stratégique et d'importants investissements sont réalisés pour assurer sa stabilité sur le marché (FAOSTAT, 2008).

Devant ces efforts d'amélioration des techniques de production, en techniques culturales et irrigation, les maladies d'origine biotique restent une menace de première importance devant la régularité des seuils de production escomptés. Sans doute, le mildiou de la pomme de terre causé par *P. infestans* est la maladie la plus redoutable sur cette culture. A titre de rappel historique, durant les années 1845-1846 en Irlande, tous les champs de pommes de terre furent détruits par *P. infestans*, engendrant la mort de plus d'un million de Néerlandais et l'émigration d'autres millions, principalement aux États-Unis et au Canada. (Large, 1940 ; Woodham-Smith, 1962 ; Hampton, 1992 ; Fry et Goodwin, 1997 ; Lebreton et al., 1998 ; Zadoks, 2008). Les premiers signalements de cette maladie en Afrique remontent à 1941 au Maroc (Sedegui et al., 2000). En effet, le mildiou de la pomme de terre constitue le principal défi pour cette culture à l'échelle mondiale, c'est l'une des cinq maladies les plus graves affectant les cultures et la sécurité alimentaire (Fisher et al., 2012).

Economiquement les pertes en production, causées par cette maladie, peuvent atteindre 100% en moins de trois semaines (Gaucher et al., 2011). Jusqu'à présent, *P. infestans* ne cesse de causer d'importantes pertes depuis l'épidémie sévère de 2007, qui a perturbé l'approvisionnement du marché national (FAOSTAT, 2008). En Algérie, plus précisément dans

des régions potentielles de production (Ain Defla, Chlef, Mostaganem et Mascara), plusieurs cycles épidémiques sévères de mildiou ont été enregistrés, notamment au cours des années 2013, 2014 et 2016 (Abderrahmane, 2021).

Les dommages annuels causés par cette maladie sont estimés à plus de 6 milliards de dollars, incluant les pertes de rendement et les coûts de protection phytosanitaire (Haverkort, et al., 2008). Les pertes de rendement des cultures de pommes de terre dues à cette maladie varient de 20 à 50 % et peuvent entraîner une perte totale de la récolte en cas d'attaques sévères sur des variétés sensibles (Zwankhuizen, 1998). En Algérie, ces pertes de rendement semblent plus importantes dans les régions du Nord à climat subhumide et semi-aride en raison des conditions favorables au développement du mildiou (Beninal et al., 2009 ; Corbière et al., 2010).

Pour lutter efficacement contre le mildiou de la pomme de terre, la plupart des agriculteurs manquent de connaissances nécessaires, de soutien technique et de formation adaptée. En plus de ces difficultés, d'autres obstacles viennent compliquer la tâche, notamment dans plusieurs régions de production où il y a une absence de variétés résistantes, un accès limité à des semences de qualité, une efficacité et une disponibilité réduites des fongicides, ainsi qu'une inadéquation des moyens financiers et des ressources avec les besoins de la culture (Cooke, 2017). Dans l'ensemble, ces produits chimiques sont utilisés de manière systématique, sans prévision et surtout à titre préventif, à raison d'un à deux traitements par quinzaine. Une telle situation entraîne des conséquences excessivement dépeniées, impliquant des surélévations en couts de production Autres conséquences, aussi graves, se répercutent sur la pollution environnementale et la santé du consommateur ; et même sur l'économie des pays car l'accumulation des produits chimiques, résidus sur les tubercules de pommes de terre, engendre l'annulation de leur consommation et de leur exportation (Guéneq, 2009).

En Algérie, les efforts de lutte phytosanitaire sont souvent voués à l'échec, en raison de la présence quasi-permanente des sources d'inoculum primaire dans certaines régions, mettant d'emblée en échec les stratégies des contrôles phytosanitaires qui sont purement d'ordre chimique (fongicides). Les pertes se poursuivent grâce à la hausse du prix des produits phytosanitaires. On utilise en moyenne plus de quatre traitements chimiques, mais il semble que la situation ne soit pas maîtrisable ; alors qu'avant, un seul traitement anti-mildiou était suffisant (Abderrahmane, et al., 2017).

Il est essentiel d'intégrer les variables climatiques, la résistance de la variété cultivée et les caractéristiques du pathogène dans toute stratégie de lutte. La combinaison de ces éléments rend

la lutte plus compliquée, ce qui peut entraîner des traitements excessifs et inefficaces (Fry, 2012). Dans les pays développés, cette complexité a guidé la lutte vers le développement et l'utilisation des systèmes prévisionnels d'alerte et de veille (Small, et al., 2015).

Le diagnostic classique du mildiou de la pomme de terre repose essentiellement sur les techniques phytopathologiques classiques, et parfois sur des méthodologies relativement récentes et modernes, Tests enzymatiques et la PCR, mais exigent une expérience et une solide connaissance en pathologie végétale (Grabowski, 2008). Les techniques de diagnostic classique, bien qu'efficaces dans de nombreux cas, présentent plusieurs limitations notables, telles que le temps et la main d'œuvre. Le diagnostic basé sur l'observation des symptômes est souvent possible seulement après que les symptômes visibles apparaissent, ce qui peut être trop tard pour une intervention efficace menant à la perte de la totalité des récoltes en quelques jours (Mills, et al., 2016).

Notre objectif dans cette étude est de développer un outil d'aide au diagnostic qui permet une détection plus rapide, plus précise et précoce juste avec les premiers foyers d'infection, qui peut être intégré dans les systèmes de gestion de la culture de la pomme de terre. Il doit offrir des données en temps réel et des recommandations basées sur des modèles prédictifs pour une gestion intégrée. Grâce à cette détection plus précise et précoce, l'utilisation des fongicides peut être optimisée, réduisant ainsi à la fois, les impacts environnementaux négatifs et les coûts liés aux traitements, tout en augmentant le rendement économique global pour les producteurs, sans omettre la simplicité et la facilité de son utilisation. En collaboration avec la Faculté des Sciences – Université de Blida 1 (Département d'Informatique), le travail concernera le développement d'une interface, permettant la saisie des données, sous forme d'images numériques de symptômes de mildiou de pomme de terre prises sur terrain en temps réel. L'outil en question, après entraînement préalable de modèles préétablis, de procéder à une classification automatique d'usage pratique en conditions réelles, avec à l'appui des décisions d'intervention et de prise de décisions phytopathologiques et agronomique.

Partie I.

Recherche
bibliographique

I.1. Généralités sur le mildiou de la pomme de terre

I.1.1 Agent causal

L'agent responsable du mildiou de la pomme de terre est *Phytophthora infestans* (les mots grecs: «phyto» = plante; «phthora» = décomposer, ruiner, périr). Le verbe latin *infestare* signifie "attaquer, détruire" est le nom de l'espèce *infestans*. (www.ncbi.nlm.nih.gov, 2024). Il s'agit d'un oomycète, les Stramenopiles, de la famille des Pythiaceae, de l'ordre des Peronosporales et du genre *Phytophthora* (Dick 2001; Beakes et al., 2012). Ce genre renferme un répertoire de plus de 120 espèces distinctes capables de parasiter diverses plantes spontanées et cultivées (Martin et al., 2014). Avec un poids moléculaire de 240 Mb, le génome de *P. infestans* est l'un des génomes les plus grands et les plus complexes séquencés chez (Haas et al. 2009 ; Raffaele et al., 2010). Avec 75 % de répétitions, ce génome présente une distribution structurale et de nombreuses conséquences, notamment des taux variables d'évolution du génome et des taux inégaux de son expansion en réplication, avec une expression différentielle des gènes de signalisation et de pathogénicité (Jiang et Tyler, 2012).

I.1.2. Caractéristiques morphologiques de *P. infestans*

P. infestans se caractérise par une structure mycélienne coenocytique et hyalin, avec des sporanges ovoïdes, ovales, limoniforme. Ces structures fructifères sont caduques et semi-papillaire, de 19 à 29 µm de diamètre et de 29 à 36 µm de longueur (Tucker, 1931 ; Waterhouse, 1963). Chaque sporange contient 7 à 12 zoospores. Le sporangiophore présente des branches symétriques et des projections fusiformes « bosses » juste en dessous du point de formation du sporange (Figure 1) (Thurston et Schultz, 1981; Erwin et Ribeiro, 1996; Gallegly et Hong, 2008).

La germination des sporanges se fait directement par la libération d'un ou plusieurs tubes germinatifs ou indirectement par la formation de zoospores biflagellées qui assurent la reproduction. Le mode de reproduction des tubes germinatifs ou zoospores dépend de la température : si elle est faible (optimum 12°C), se fait par des zoospores biflagellées, mais si elle est élevée (environ 24 °C), se réalise par des tubes germinatifs. Les zoospores, qui sont propulsées par deux flagelles différents, nécessitent un environnement humide dans lequel elles peuvent se déplacer et se transmettre (Bouwmeester et al., 2009).

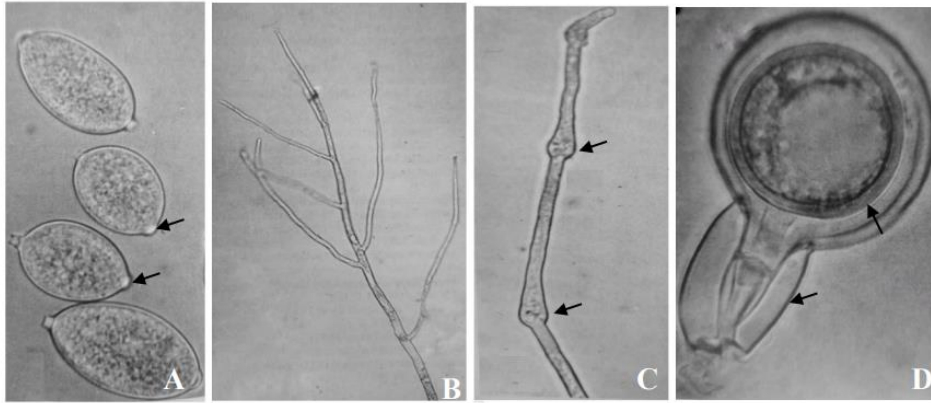


Figure 1. Caractéristiques morphologiques de *P. infestans*. **A.** Sporangies ovoïdes, ellipsoïdes à limoniformes, pourvus d'une papille apicale (flèches). **B.** Sporangiophores en ramifications sympodiales. **C.** Sporangiophores avec des renflements successifs aux sites de formation des sporanges (flèches). **D.** Oospore aplerotique à paroi épaisse (flèche) montrant à sa base l'anthéridie amphigyne (flèche) (Erwin et Ribeiro, 1996).

P. infestans est un organisme hétérothallique qui possède deux types de compatibilité sexuelle, A1 et A2. La reproduction sexuée début par la libération d'hormones qui stimulent la formation de gamétanges (gamétocystes), où se produit la méiose (Bouwmeester et al., 2009). Lors de la fécondation, les hyphes des gamétanges femelles (oogonium) s'attachent au sommet des hyphes des gamétanges mâles (anthéridium) et s'étendent à travers eux pour former l'oogone. Par conséquent, la taille de l'anthéridie, qui réside dans la zone des amphibiens par rapport à l'oogone, est de $23 \times 18 \mu\text{m}$ (Gallegly et Hong, 2008). Le diamètre des oogones mature se situe entre 31 et $50 \mu\text{m}$ ($38 \mu\text{m}$ en moyenne) (Erwin et Ribeiro, 1996).

I.1.3. Cycle biologique et développement du mildiou

Selon les conditions, pédoclimatiques et de végétation, souvent *P. infestans* réalise un cycle biologique à la fois sexué et asexué, avec une nette dominance de la phase asexuée (Figure 1). Cette dernière aboutit à la formation de zoosporanges, provoquant des épidémies polycycliques observables lors de la saison de culture de la pomme de terre (Kessel et Förch, 2006). Après la libération des zoosporanges, les zoospores commencent à s'enkyster, en perdant leurs flagelles en formant un tube germinatif qui pénètre dans l'épiderme des feuilles de la plante (Judelson et Blanco, 2005). Sous une température de 18 à $22 \text{ }^\circ\text{C}$ et une humidité relative de 90 à 100 %, les premières lésions nécrotiques apparaissent sur les feuilles 2 à 3 jours après l'infection (Fry, 2008). Cette phase asexuée, qui peut se répéter plusieurs fois dans des conditions environnementales favorables, est prédominante pendant la saison de croissance des plants de pomme de terre. La phase sexuée exige la présence de deux types de compatibilité sexuelle (A1 et A2), pouvant engendrer une situation épidémique, conduisant à la formation d'oospores qui

assurent la survie et constituent une source d'inoculas et de variation génétique (Drenth et al., 1993 ; Nowicki et al., 2012)

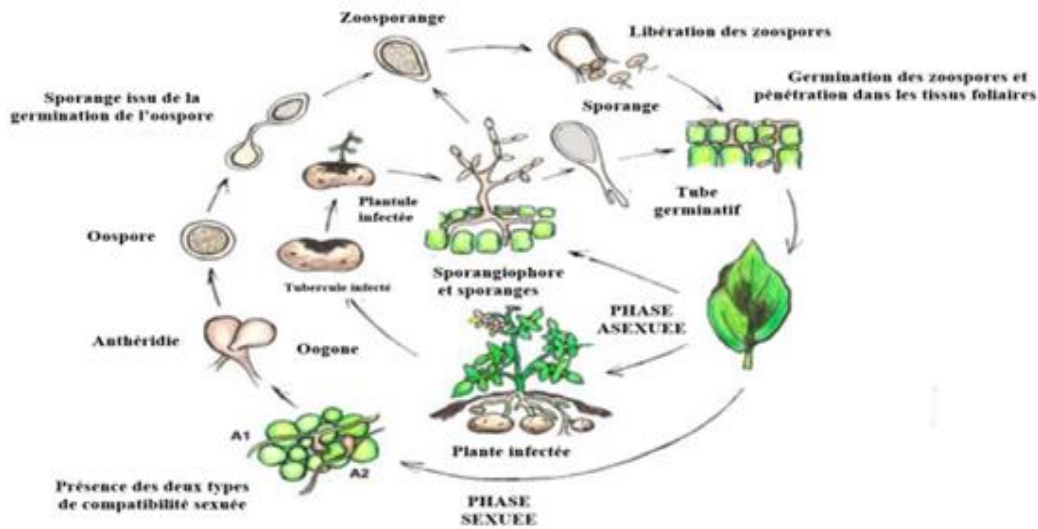


Figure 2. Cycle de développement du mildiou de la pomme de terre et de la tomate causé par *P. infestans* (Bengtsson, 2013).

Au contact de l'hôte, les spores germent soit directement par l'émission d'un tube germinatif qui pénètre l'hôte (température de 18 à 24 °C), soit indirectement par la production de zoospores (température de 8 à 18 °C) (Erwin et Ribeiro, 1996 ; Fry et al., 2001 ; Platt, 2008). L'entrée de l'agent pathogène, dans les plants de pomme de terre, se réalise à travers les lenticelles, les yeux, les stolons ou les blessures (Walmsley-Woodward et Lewis, 1977 ; Pathak et Clarke, 1987).

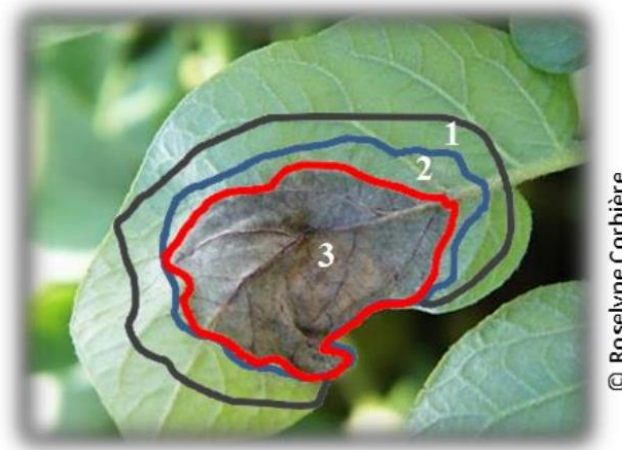
Les feuilles de la plante sont le plus souvent infectées par les zoospores biflagellées, libérées par des sporanges, et moins souvent par leur germination directe. Les zoospores s'attachent alors aux plants de pomme de terre et, grâce à leurs flagelles, se déplacent dans le film d'eau existant, puis se déposent à proximité et émettent un tube sporifère, une fois pénétré, détermine les premiers foyers d'infection. L'hyphe primaire émerge de l'appressorium et pénètre dans la cellule végétale, après quoi des hyphes intercellulaires se forment : c'est l'étape d'incubation ou la phase d'invasion. Des structures nutritives spécialisées, les haustoria, se forment et envahissent les cellules du mésophylle pour éliminer les nutriments des plantes et favoriser la croissance mycélienne (Agrios, 2005 ; Judelson et Blanco, 2005).

Une caractéristique de *P. infestans* est son mode trophique : il colonise initialement les tissus sous forme de mycélium et initie l'infection de manière biotrophe, causant peu de dommages aux tissus de l'hôte. Il génère alors des sporanges et épuise progressivement les ressources de

l'hôte, entraînant la formation d'une nécrose. *P. infestans* change alors de mode et devient nécrotrophe. Cependant, ces deux modes trophiques coexistent car l'oomycète continue de se développer sous forme de mycélium et de sporuler lors de cette nécrose. Ces trois zones correspondent à trois étapes simultanées de développement du pathogène : croissance mycélienne, sporulation (biotrophe) et nécrose (mort des tissus de l'hôte, nécrotrophe), alors que le reste du tissu reste intacte (Fry, 2008).

I.1.4. Principaux symptômes du mildiou de la pomme de terre

Les symptômes engendrés par *P. infestans* peuvent être observés sur l'ensemble des organes de la plante (jeunes pousses, feuilles, pétioles, bouquets terminaux, tiges et tubercules). Les attaques précoces réduisent l'activité photosynthétique, tandis que les attaques tardives entraînent une diminution de la qualité des tubercules (Duvauchelle et Andrivon, 1996). Les feuilles, atteintes de mildiou, présentent de petites taches décolorées, d'aspect huileux, qui virent au brun et sont entourées d'un halo jaunâtre sur la face supérieure des limbes (Figure 2). Ces taches s'agrandissent rapidement et deviennent nécrotiques (Radtke et Rieckmann, 1991). A la face inférieure des limbes, une couverture blanche caractéristique constituée de fructifications asexuées de *P. infestans* (spores et sporangiophores) est observée surtout en conditions humides autour des bords des nécrosés (Agrios, 2005).



© Roselyne Corbière

Figure 3. Description du développement de *P. infestans*.

Zone 1 : croissance mycélienne (phase biotrophe asymptotique), **zone 2** : sporulation (phase biotrophe symptomatique), **zone 3** : nécrose (phase « nécrotrophe ») (Roselyne corbière, 2016).

Cet agent pathogène est généralement caractérisé par sa vitesse de croissance mesurée par les symptômes, sa capacité à sporuler et donc à se reproduire et sa capacité à coloniser les tissus sous forme de mycélium, sur les tiges, le symptôme est sous forme d'une nécrose brun-violet s'étendant 2 à 10 cm du nœud. Par temps humide, cette nécrose se recouvre d'une poudre

blanchâtre à grisâtre constituée de fructifications asexuées du pathogène (Figure 4. C). Les attaques sur les bouquets terminaux se manifestent par une nécrose généralisée et un léger recroquevillement des feuilles apicales (Figure 4. D) (Rousselle et al., 1996). Sur les tubercules, les symptômes se manifestent sous forme de lésions aux contours irréguliers, de couleur grisâtre et irrégulière et de taches brunâtres en surface. En coupe transversale, les tubercules présentent des taches de couleur rouille (Figure 4. E). Dans des conditions de stockage défavorables, les tubercules pourrissent et dégagent une odeur caractéristique. Pendant le stockage, les tubercules infectés peuvent contaminer les tubercules sains.

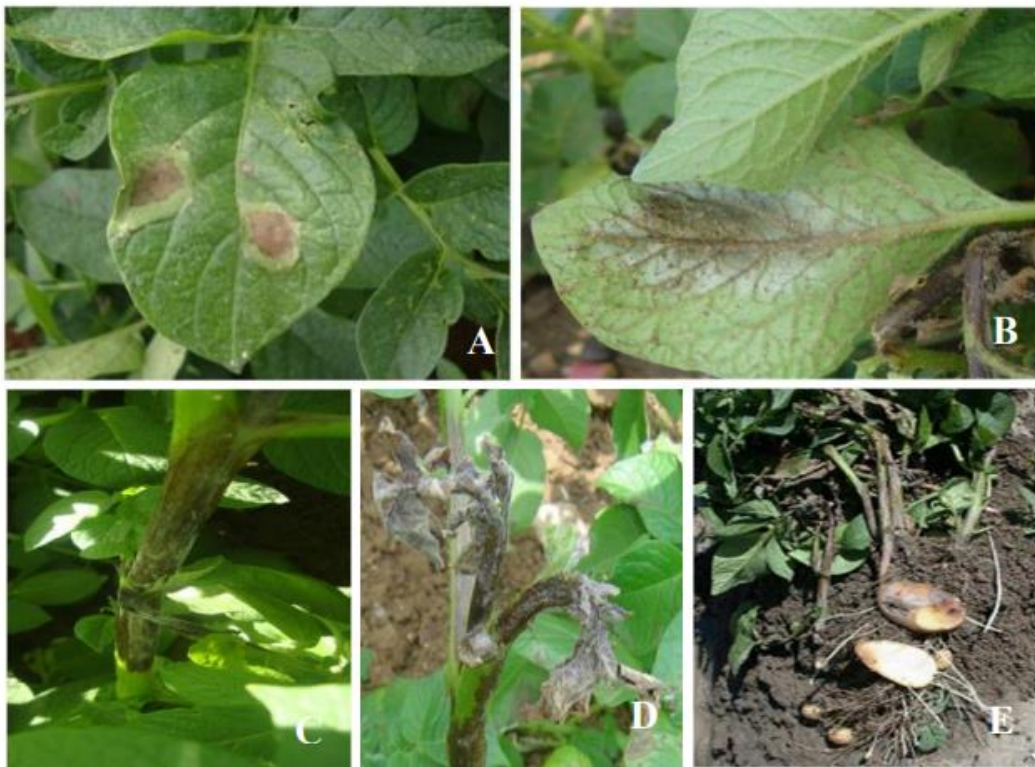


Figure 4. Symptomatology of mildew of the potato in the field. **A.** Leaf showing two necrotic spots surrounded by a yellowish halo. **B.** Leaf showing on its underside a necrotic zone surrounded by a white border constituted by the asexual sporangia of *P. infestans*. **C.** Stems showing a brown-purple necrosis covered by a white powder constituted by the asexual sporangia of *P. infestans*. **D.** Generalized necrosis at the level of the terminal leaf whorls. **E.** Rust-colored spots inside the tubercles (Schepers, 2007).

Sur les tubercules, la rouille brunâtre de la chair est le symptôme typique du mildiou. Sur la surface extérieure, les dépressions dures avec des reflets violacés sur les côtés sont une caractéristique commune. Normalement, les tubercules infectés par le mildiou sont durs, mais les agents pathogènes secondaires associés peuvent se manifester par des symptômes de pourriture molle (Mehi L et al., 2017).

I.1.5. Conditions favorables au développement du mildiou

Lorsque les conditions du milieu sont favorables, l'évolution de l'épidémie dépend de l'agressivité du pathogène et du système de défense de la plante hôte (Pieterse et al., 1992). *P. infestans* se manifeste principalement dans les régions de production où les périodes d'humidité prolongées (pluies, irrigation par aspersion, brouillards, rosée...) et les températures basses sont présentes (Platt, 2008). Comme son nom anglo-saxon « late blight » l'indique, la durée de latence et l'évolution de la lésion sont principalement influencées par la température, tandis que l'intensité de l'infection est influencée par l'humidité. Les périodes humides et fraîches sont propices à la sporulation, avec une température optimale de 16 à 22°C, et sont inhibées par les périodes chaudes et sèches (Dominique, B., 2009). La lumière a une action inhibitrice sur la reproduction sexuée chez les espèces du genre *Phytophthora*. C'est la phase d'induction précédant la différenciation des gamétocystes qui est photosensible (Ribero, 1983). La gravité de l'infection dépend de la nature du sol, comme une porosité élevée qui favorise le déplacement des spores. *P. infestans* a une capacité saprophytique limitée.

I.1.6. Stratégies de lutte

Même si les pratiques agricoles raisonnées conseillent la gestion de cette maladie avec une approche intégrée basée sur la combinaison des luttés culturale, génétique et chimique (Duvauchelle et Andrivon, 1996 ; Namada et al., 2004) ; en réalité c'est la lutte chimique qui demeure la solution principale que ce soit à caractère prophylactique préventif ou curatif selon les possibilités et l'état de développement de la maladie. La conduite culturale vise à réduire les populations de *P. infestans* en limitant sa survie, sa propagation et sa reproduction (Garrett et Dendy, 2001). Les sélectionneurs s'orientent vers l'amélioration de variétés de pomme de terre présentant une bonne résistance aux races pathogènes pour ralentir le rythme des épidémies en plein champ (Duvauchelle et Andrivon, 1996). Cependant, la plupart des variétés de pommes de terre commercialement importantes ne présentent pas une résistance élevée.

Selon (Erwin et Ribeiro, 1996), les fongicides demeurent indispensables dans la lutte contre le mildiou. Les traitements chimiques reposent principalement sur des mesures préventives, en alternant l'utilisation de fongicides systémiques et de contact (Gaucher et al., 1998). Il est nécessaire de réaliser ces traitements au moins onze fois tout au long du cycle végétatif de la pomme.

Malgré la diversité et l'ampleur des travaux portant sur la lutte biologique vis-à-vis du mildiou, néanmoins leur succès n'est que relatif et demeure négligeable en pratique sur terrain.

Différents microorganismes antagonistes et certains extraits végétaux ont été étudiés afin de déterminer leur aptitude à entraver la croissance de l'agent responsable du mildiou de la pomme de terre : *Chaetomium globosum* (Shanthiyaa et al., 2013), *Trichoderma sp.* (Yao et al, 2016 ; Gupta, 2016) ainsi que les bactéries des genres *Serratia*, *Rahnella*, *Streptomyces*, *Bacillus* et *Pseudomonas* (Daayf et al, 2003 ; Kloepper et al, 2004 ; Caulier et al, 2018).

I.2. Outils de diagnostic en phytopathologie

Après le 19^{ème} siècle, la phytopathologie est considérée comme une discipline scientifique à part entière. L'évolution de cette science a commencé par la mise en évidence des principaux pathogènes des plantes à cette époque, dont *Claviceps purpurea* (agent de l'ergot des céréales), rouilles du blé, oïdium...etc. (Rapilly, 2001) et *P. infestans* (agent du mildiou) (Matta, 2010). La phytopathologie se définit comme étant la science qui étudie les maladies des plantes. Elle s'intéresse aux facteurs biotiques et abiotiques qui induisent les maladies chez les plantes, et aux mécanismes par lesquelles ces différents éléments interagissent. Cette discipline permet de mettre en place des méthodes de prévention et de lutte contre ces affections (Lepoivre, 2003). Le diagnostic représente un outil indispensable en phytopathologie, applicable à différents niveaux d'une maladie avec différentes approches. On distingue le diagnostic généraliste et le diagnostic spécialisé.

I.2.1. Diagnostic généraliste

Le diagnostic généraliste vise à réaliser un descriptif symptomatologique sur site et/ou terrain (description et classification des symptômes, localisation, développement et répartition) pour formuler une hypothèse sur l'origine de la maladie, à partir d'un premier relevé visuel sur le terrain. Ce diagnostic peut être établi en se basant sur des symptômes visibles ou directement sur la présence d'organismes ou de signes (Grabowski, 2008). Il est important de noter que pour déterminer l'origine d'un symptôme, il est essentiel d'avoir une expérience et une solide connaissance en pathologie végétale : l'espèce végétale, les pathogènes reconnus pour cette espèce, la biologie et le cycle de vie des pathogènes.

Il existe plusieurs outils mis gratuitement à disposition des utilisateurs, comme les sites de diagnostic généraliste, ou les applications développés par l'institut national de la recherche agronomique dont *Ephytia*. Ces outils facilitent la reconnaissance des symptômes en les comparant à ceux déjà décrits dans les bases de données.

I.2.2. Diagnostic au laboratoire

En pathologie végétale, l'observation visuelle seule n'est souvent pas suffisante pour identifier la cause d'un symptôme, et il est nécessaire de la confirmer au laboratoire. Cette étape complète le diagnostic généraliste et peut cibler un groupe de pathogènes potentiels (comme les champignons ou les bactéries) ou un parasite spécifique (comme un genre bactérien ou une espèce). La détection en laboratoire est essentielle pour rechercher une maladie ou un organisme réglementé, et est généralement effectuée par un laboratoire agréé, parfois spécialisé dans une pathologie spécifique.

I.2.3. Techniques de diagnostic classique

Les techniques de détection dans un diagnostic, sont choisies, entre autres, selon le pathogène recherché, le matériel végétal infecté, le temps nécessaire, la méthode et les coûts.

I.2.3.1. Isolement sur milieu de culture

L'isolement des agents phytopathogènes sur milieux de cultures gélosés, reste l'étape de base souvent utilisée dans le diagnostic des maladies bactériennes et fongiques. L'identification morphologique (sous loupe ou microscope) vient compléter l'étape de culture pour identifier le pathogène, elle nécessite une bonne connaissance de la biologie du pathogène recherché (Kox et al., 2007). Cette technique est qualitative et présente l'avantage d'isoler l'agent pathogène en culture pure, qui peut servir pour des expériences ultérieures plus poussées, comme le postulat de Koch ou dans une éventuelle étude scientifique (étude détaillée du microorganisme ...). Cette procédure présente des limites, car elle est chronophage (durée moyenne de 5 à 10 jours), et ne permet pas la détection d'une grande partie de pathogènes non cultivables (parasites obligatoires). La réussite de ce procédé, dépend de la fraîcheur de l'échantillon, et des conditions d'échantillonnage (Schubert et al., 1988). Dans la majorité des cas, cette méthode est complétée par une observation microscopique pour voir la forme et les caractéristiques du parasite identifié.

I.2.3.2. Tests *in planta*

Le postulat de Koch, est l'une des méthodes utilisées depuis le 18^{ème} siècle pour confirmer les hypothèses dans le diagnostic d'une maladie. Elle est utilisée en diagnostic végétale, et se résume en quatre étapes : 1) Isoler le pathogène des tissus symptomatiques ; 2) multiplier le parasite ; 3) inoculer une plante saine avec le parasite ; 4) réisoler le parasite à partir de la plante inoculée qui présente les mêmes symptômes que la plante initiale malade. Cette procédure, ne

s'applique pas aux parasites non identifiés et difficile à isoler, comme c'est le cas de certains virus (Desvignes, 1999).

Les tests sur des plantes s'appliquent sur des espèces et variétés végétales sensibles à la maladie étudiée. La plante réceptrice est infectée, via diverses techniques d'inoculation directes ou avec vexion. Le test est mis en place dans des conditions idéales et précises pour favoriser le développement des symptômes selon leur spécificité et typicité (Devergne et al., 1982 ; Desvignes, 1999).

I.2.3.3. Tests sérologiques et enzymatiques

Dans le domaine du diagnostic, le test ELISA (Enzyme-Linked Immuno Sorbent Assay) est fréquemment employé, en particulier pour détecter les pathogènes présents dans les grandes cultures ou pour effectuer des contrôles phytosanitaires (López et al., 2010). La méthode est simple et peu coûteuse, elle permet d'obtenir un résultat à partir de fragments de tissus (feuilles, écorce, graine...) et peut être utilisée pour identifier des virus, des bactéries ou des champignons sur le terrain. Cette méthode repose sur la réaction antigène-anticorps, suivie d'une détection par spectrophotométrie. Il existe quelques limites à cette méthode, telles que l'absence d'anticorps disponibles pour certains microorganismes, la fuite ou la non spécificité de certains anticorps, ce qui pourrait être lié à l'instabilité des virus. Les résultats de cette méthode ne sont pas concluants en cas de faible charge virale Il existe une version miniaturisée (kit de détection rapide) qui fonctionne sur le principe de l'immuno--chromatographie pour effectuer des détections sur terrain avec des résultats immédiats (virage de couleur) (Desvignes, 1999).

I.2.3.4. Analyses moléculaires

Dans le domaine de la phytopathologie, la biologie moléculaire est devenue un outil essentiel pour détecter les parasites. La PCR (Polymerase Chain Reaction) est couramment employée, elle est adaptée à tous les organismes et peut être utilisée même sur des échantillons de basse quantité de matériel. La rapidité et la possibilité d'analyser plusieurs échantillons simultanément sont également des atouts de cette technique (Kaluzna et al., 2010). La PCR (ou la RT PCR dans le cas de virus à ARN) est généralement inadéquate pour établir un diagnostic complet, ce qui conduit à l'utilisation d'autres techniques telles que le séquençage à haut débit (NGS : Next-generation sequencing) suivi de l'analyse bioinformatique (Caporaso et al., 2011). Cette ultime méthode permet de déterminer précisément le micro-organisme et permet d'affiner l'analyse afin d'identifier l'espèce ou la sous-espèce (Šafářová et al, 2013).

I.2.4. Techniques de diagnostic moderne

Les techniques de diagnostic modernes offrent des avantages significatifs en termes de rapidité, précision et sensibilité, facilitant ainsi la détection précoce des maladies des plantes et améliorant les stratégies de gestion des cultures pour minimiser les pertes agricoles et protéger les ressources naturelles (Chtaina, N. et al, 2020).

I.2.4.1. Imagerie hyper-spectrale

Les méthodes optiques permettent de réaliser des mesures non-invasives, à haut-débit et avec peu de main-d'œuvre, qui rendent compte de l'état sanitaire de populations végétales sur de grandes surfaces de production. De plus ces méthodes se prêtent facilement à l'automatisation des acquisitions par l'intermédiaire de capteurs indépendants qui peuvent être embarqués sur différents vecteurs terrestres ou aériens (Mahlein et al., 2012 ; Rigouin, L., et al, 2022). La possibilité de remplacer des inspections réalisées sur le terrain par des experts de façon ponctuelle par des observations denses et fréquentes se révèle particulièrement intéressante dans le cas d'une pathologie explosive et polycyclique comme le mildiou. En outre l'analyse des spectres et des images issus de ces capteurs bénéficie de l'expérience et des outils développés pour d'autres applications agricoles, industrielles, militaires et médicales qui peuvent être transposées et adaptées aux besoins de l'épidémiologie-surveillance (OpenAI, 2024, ChatGpt [logiciel]).

L'imagerie hyperspectrale est une méthode qui permet de capturer une image d'un sujet dans plusieurs bandes spectrales adjacentes, ce qui permet de générer un spectre de réflectance complet pour chaque pixel de l'image. La moyenne de la résolution spatiale d'une image hyperspectrale est de 10 nanomètres, tandis que la résolution spectrale est généralement inférieure. Cette méthode diffère de l'imagerie spectrale, une méthode ancienne qui rend une image dans un nombre restreint de bandes spectrales (jusqu'à 15), larges et discontinues (Asaari et al, 2018). L'imagerie hyper-spectrale est principalement employée dans les domaines de la lumière visible et de l'infrarouge (0,4-2,5 μm). Cependant, elle est aussi applicable dans le domaine du moyen infrarouge (3-5 μm et 8-12 μm , bandes II et III), ainsi que dans l'infrarouge thermique, où des prototypes sont évalués pour l'observation des micro-ondes (Gowen et al., 2007).

I.2.4.1.1. Analyse de spectres denses

L'analyse dense de données hyper-spectrales constitue souvent une étape d'étude préliminaire. Ces études consistent dans un premier temps à comparer les signatures spectrales

issues de tissus sains et de tissus affectés par des pathologies, voire de comparer les signatures de différentes pathologies. L'objectif est de déterminer s'il existe des dynamiques ou des motifs dans les signatures spectrales qui permettent a priori de les discriminer. Dans un second temps, ces études permettent de réaliser de la prospection spectrale, i.e. de déterminer les plages du spectre dans lesquelles l'information est la plus pertinente et la plus discriminante. Plusieurs études hyper-spectrales récentes montrent des différences significatives et répétables entre des signatures spectrales saines et des signatures pathologiques (Gavelle, 2015). Ainsi, des différences de l'ordre de 10% à 30% de l'indice de réflectance dans certaines longueurs d'onde VIS, PIR et MIR sont observées pour des pathologies de la vigne comme l'esca et la FD (Albetis, 2018 ; Al Saddik, 2019) ou pour des pathologies du pommier comme la tavelure (Nouri, 2017). Ces observations sont cohérentes avec des phénomènes macroscopiques observables sur des tissus malades comme les différents faciès de décoloration ainsi qu'avec des mesures chimiques de la composition de ces tissus (Khoder, J., 2013).

I.2.4.1.2. Analyse d'échantillons spectraux

Il existe différentes stratégies pour exploiter des informations sélectionnées dans les spectres. Il est possible de sélectionner des bandes spectrales directement à l'acquisition sur la base de connaissances préétablies sur les pathologies et leurs signatures spectrales. Il est aussi possible de sélectionner des variables d'intérêt sur des mesures spectrales continues par le calcul d'indices de végétations (IV), l'estimation de paramètres biophysiques (BP) ou la sélection et la combinaison de nouvelles variables spectrales spécifiques (Fernández, G., & Zrýd, J. P., 1999).

I.2.4.2. Les biosenseurs

Les biosenseurs sont des dispositifs analytiques capables de détecter des substances biologiques ou chimiques en utilisant un élément de reconnaissance biologique couplé à un transducteur. Ils convertissent l'interaction biologique spécifique en un signal mesurable, permettant ainsi la détection, la quantification et le suivi de diverses analytes. Ils se définissent comme étant des dispositifs qui utilisent des éléments biologiques (comme des enzymes, anticorps, acides nucléiques) pour reconnaître spécifiquement une cible et convertir cette interaction en un signal mesurable par l'intermédiaire d'un transducteur. On distingue, selon (Mohanty & Kougianos, 2006):

- Biosenseurs à ADN : Utilisation de sondes d'ADN spécifiques pour détecter les séquences d'ADN des pathogènes. La détection peut être amplifiée par des techniques telles que la

PCR (réaction en chaîne par polymérase) couplée à des méthodes de détection optiques ou électrochimiques.

- Biosenseurs à Anticorps : Utilisation d'anticorps spécifiques pour capturer les pathogènes sur une surface de capteur. Les changements de signal optique ou électrochimique sont ensuite mesurés.
- Biosenseurs à Phages : Utilisation de bactériophages modifiés pour lier et détecter spécifiquement les bactéries pathogènes. Les changements résultants peuvent être mesurés par des techniques électrochimiques ou optiques.

I.2.4.3. Apprentissage automatique (Machine Learning) :

L'apprentissage automatique, ou également connu sous le nom de l'apprentissage machine ou apprentissage statistique (Zaiz, 2016), est une branche de l'intelligence artificielle qui repose sur des méthodes mathématiques et statistiques afin de permettre aux ordinateurs d'acquérir des connaissances à partir de données, ce qui signifie qu'ils peuvent améliorer leurs performances dans la résolution de tâches sans être explicitement programmés pour chacune d'entre elles (Jeremy, 2020).

L'intégration de Machine Learning dans le diagnostic du mildiou de la pomme de terre représente une avancée significative dans la lutte contre cette maladie dévastatrice. Avec l'émergence du Machine Learning, il est désormais possible d'analyser de grandes quantités de données agricoles et climatiques pour prédire les épidémies de mildiou avec une précision accrue (Coulibaly, 2021).

L'intersection du Machine Learning et du diagnostic du mildiou ouvre la voie à une agriculture plus intelligente et durable. En exploitant la puissance de l'analyse de données et des modèles prédictifs, les producteurs peuvent anticiper les épidémies de mildiou et prendre des décisions éclairées pour protéger leurs cultures, réduisant ainsi la dépendance aux traitements chimiques et favorisant une approche intégrée de la gestion des maladies des plantes (Saker, 2023).

Selon la disponibilité des données, l'apprentissage automatique comprend (Blum et al, 1998) :

- Apprentissage supervisé : Les données étiquetées, où les exemples d'entraînement sont associés à des étiquettes de sortie connues. L'objectif est de prédire correctement les étiquettes de sortie des nouvelles données en se basant sur les exemples fournis lors de l'entraînement.

- Apprentissage semi-supervisé : Combine à la fois des données étiquetées et non étiquetées. L'objectif est d'améliorer les performances du modèle en exploitant à la fois les informations fournies par les données étiquetées et les relations sous-jacentes des données non étiquetées.
- Apprentissage non-supervisé : Les données non étiquetées, où les exemples d'entraînement ne sont pas liés aux étiquettes de sortie. L'objectif est d'explorer les motifs et les structures sous-jacentes sans nécessiter d'étiquetage préalable. Les applications courantes incluent la segmentation des données, la réduction de dimensionnalité et la détection d'anomalies.

Partie II.

Matériels et méthodes

Partie II- Matériels et Méthodes

II.1. Méthodologie de travail

Notre travail consiste à réaliser un diagnostic assisté, outils d'aide à la décision, en exécutant une analyse informatique sur des observations symptomatologiques réelles. Donc, l'état symptomatologique demeure le fondement, dans ce nouveau concept, dans l'élaboration du diagnostic au sens phytopathologique. Il est utile de rappeler que le descriptif symptomatologique est un outil fondamental en phytopathologie pour détecter, diagnostiquer, et gérer les maladies des plantes de manière efficace et efficiente (Barguigua, et al., 2020). Ainsi les symptômes seront considérés à titre de photographies (photos numériques), c'est à dire un diagnostic visuel suivi d'une numérisation [spectrale, hyper-spectrale] pour traiter les images prises sur terrain. Nous utilisons cinq activités principales (Figure 5) :

- a. Acquisition, organisation des images (symptômes) pour la création du dataset,
- b. Prétraitement du dataset,
- c. Entraînement des modèles ML,
- d. Evaluation des performances des modèles,
- e. Analyse des résultats obtenus.

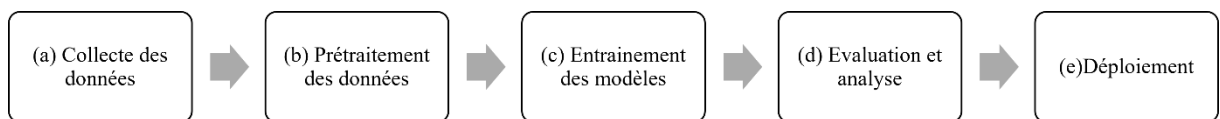


Figure 5. Division de la deuxième partie.

II.2. Collecte de données et échantillonnage

La Base de Données (ou dataset) est un ensemble de données organisées en vue de son utilisation par des programmes correspondant à des applications distinctes et de manière à faciliter leur évolution indépendante (données et programmes) (Raphael, 2021).

Nous avons collecté les images de symptômes typiques de la maladie étudiée, le mildiou de la pomme de terre, de deux sources différentes :

- **Dataset 1 :** Plantvillage database (Hughes, et al. 2015)
(<https://www.kaggle.com/datasets/emmarex/plantdisease>)
- **Dataset 2 :** Des images prises de la commune de Boumedfaa (Wilaya de Ain defla, Algérie)

II.2.1 Dataset 1

Tout d'abord, des images existantes ont été récupérées du Plantevillage database qui comprend plus de 54 309 images soigneusement organisées, en feuilles malades et saines, exécutées par des experts en pathologie végétale. Le catalogue, en question, en plus de la pomme de terre comprend aussi d'autres espèces végétales (pomme, myrtille, cerise, maïs, raisin, orange, pêche, le poivre, framboise, soja, diverses espèces légumières et fruitières...etc.). En somme le descriptif symptomatologique illustré par des images de haute définition, représente entre autres : 19 maladies fongiques dont deux à oomycète, 4 maladies bactériennes, 2 maladies virales et une maladie à mite (Hughes, et al. 2015).

Notre étude se focalise totalement sur le mildiou de la pomme de terre. La licence Creative Commons Attribution-ShareAlike (CC-BY-SA, 3.0 Unported) est utilisée à titre d'images (photographies) libres disponibles publiquement, issues de laboratoires expérimentaux spécialisés (Etats-Unis) (<https://github.com/spMohanty/PlantVillage-Dataset>). Les prises photographiques ont été réalisées, selon des techniques d'opposition, feuilles contre feuille sur un fond gris ou noir. La capture des images est réalisée avec caméra numérique ((Sony DSC - Rx100/13 20,2 mégapixels) en mode automatique. Chaque feuille a été tournée à 360° pendant la prise des vues pour inclure la réflexion et l'émotion.

II.2.2. Dataset 2

Pour cette étape, Dataset 2, nous avons utilisé des images de symptômes réels de mildiou de pomme de terre, confirmées par des techniques et une démarche de méthodologies de diagnostic phytopathologique (Abderrahmane, 2021). L'étude en question, portant sur la modélisation de cette pathologie végétale a été réalisée dans la région de Ain Defla (36°18'18"N, 1°50'49"E) : c'est une région intérieure, elle est située à 294 m d'altitude dans la plaine de Haute-Chélif. Depuis des décennies, cette wilaya est spécialisée dans la culture de pommes de terre. Elle fait partie des sept wilayas qui couvrent près de 50 % de la superficie totale cultivée en pomme de terre en Algérie, qui représente au niveau national plus de 30 % de la superficie cultivée (Abderrahmane, 2021).

Pour le reste du travail, notamment lors de la vérification du, le même auteur, ayant réalisée l'étude précédemment citée, nous a transmis de nouvelles photos prises récemment, montrant des symptômes typiques du mildiou sur des cultures de pomme de terre de cette année (07 mai 2024). Nous avons consulté les données climatologiques, via le site web

(<https://www.accuweather.com/fr/dz/ain-defla/1989/may-weather/1989>) : Températures Minimale 15°C et maximale 27°C avec un humidité relative de 73%.



Figure 6. Photos de plantation de pomme de terre infectées par le mildiou (07 mai 2024).

II.2.3. Détermination des niveaux de la maladie

Afin d'évaluer l'intensité des symptômes de la maladie, une évaluation visuelle de la surface foliaire infectée par rapport à la surface totale de la plante a été réalisée en utilisant la clé descriptive, d'évaluation du mildiou de la pomme de terre (Tableau 4). La maladie se présente sur la plante en cinq niveaux d'infection, en fonction de plusieurs facteurs, notamment le stade de développement de la maladie, le diamètre des lésions sur les feuilles, les conditions environnementales et la sensibilité de la variété de pomme de terre. En général, au début de l'infection, les lésions peuvent être petites, souvent de quelques millimètres à quelques centimètres de diamètre. Cependant, à mesure que la maladie progresse, les taches peuvent s'agrandir et se fusionner, formant des zones de pourriture plus importantes sur les feuilles et les tiges de la plante (Cooke, et al. 2011) :

Tableau 1. Clef d'évaluation du mildiou de la pomme de terre. (Cooke, et al., 2011).

Sévérité (%)	Description	Niveaux
0	Pas de lésions	1
0.001	1 lésion	2
0.01	2 à 5 folioles affectées sur 10 plantes.	
0.1	Environ 5 à 10 folioles infectés/plante ou environ 2 feuilles affectées/plante.	

1.0	Infection légère générale. Environ 20 lésions/plante ou 10 feuilles affecté/plante ;1 des 20 feuilles affectées sévèrement.	
5.0	Environ 100 lésions/plante ; 1 sur 10 folioles sont affectés (environ 50 folioles affectées).	3
25	Presque chaque foliole infectée mais les plantes maintiennent la forme normale et peuvent sentir le mildiou. Le champ apparait vert bien que chaque plante soit affectée.	
50	Chaque plante est affectée et environ 50 % de la surface foliaire est détruit. Le champ apparaît vert taché avec le brun.	4
75	Environ 75 % du surface foliaire est détruit ; le champ ne semble ni vert ni brune.	
95	Seulement quelques feuilles saines sur les plantes, mais les tiges sont vertes.	5
100	Toutes les feuilles et tiges sont mortes.	

- **Niveau 1** : représentant une plante saine,
- **Niveau 2** : ou le stade initial, au début de l'infection, de petites taches apparaissent généralement sur les feuilles. Ces taches peuvent avoir un diamètre de quelques millimètres à environ 1 cm.
- **Niveau 3** : le stade intermédiaire, à mesure que l'infection progresse, les taches s'agrandissent et peuvent fusionner pour former des lésions plus importantes. Les taches peuvent atteindre un diamètre de 1 à 5 cm à ce stade.
- **Niveau 4** : stade avancé, les taches continuent de s'étendre et de fusionner, couvrant souvent une grande partie de la surface des feuilles. Les taches peuvent avoir un diamètre de plus de 5 cm et peuvent également apparaître sur les tiges et les pétioles.
- **Niveau 5** : ou pourriture totale, dans les cas graves de mildiou, les feuilles peuvent se couvrir complètement de taches et devenir flasques et noires. Les tissus touchés peuvent commencer à pourrir. À ce stade, le diamètre des taches devient moins significatif car la maladie a affecté une grande partie de la plante. (OpenAI, 2024 [Logiciel] available : <https://chatgpt.com/c/155c7b42-14cc-4529-827b-b600ed7ebb2f>).

II.2.4. Détermination des attributs associés à l'image

Un attribut est une caractéristique d'une entité susceptible d'être enregistrée dans la base de données (Schaezen, 1991). Par exemple, une plante de pomme de terre, la photo (entité), son entrée morphologique et paramètres pédoclimatiques et son niveau de classification selon le taux avancement du mildiou sont tous des attributs.

Nous avons déterminé ensuite les conditions favorables pour la propagation de *P. infestans* et les conditions favorables pour la croissance de plantes de pomme de terre saines (témoins sains), ainsi, l'intervalle d'humidité relative pour la propagation du mildiou est de 75% à 100% (Platt, 2008), et pour la croissance optimale de la pomme de terre est de 50% à 100% (FAOSTAT, 2008), la température pour le mildiou de 15°C à 20°C avec un optimum de 18°C (Dominique, 2009), et pour les plantes saines de 7°C à 30°C (FAOSTAT, 2008). En ce qui concerne la salinité, le pH et le type de sol, ces paramètres sont fixés pour la propagation du mildiou et pour la croissance de la pomme de terre et sont donnés en intervalles : pH de 5,8 à 6,5, salinité de 1,9 g/L à 3,2 g/L, quant au sol, la pomme de terre est généralement cultivée dans des sols profonds (FAOSTAT, 2008).

Les symptômes typiques du mildiou de la pomme de terre sont définis et classés en catégories, selon la description de Rousselle et al., (1996) :

- **Aspect** : huileux, translucide, humide, sec, centre nécrotique, duvet blanc, nécrose, fragile, mort, halo vert pale.
- **Forme des taches** : circulaire, irrégulières, non restreinte par les nervures, allongée.
- **Couleur** : vert, vert foncé, brun, brun violacé, noire.

II.2.5. Construction des datasets

Après avoir effectué une recherche bibliographique approfondie et spécifique, nous avons regroupé l'ensemble de photos, des caractéristiques morphologiques et pédoclimatiques dans un tableau composé de 1200 lignes, chaque ligne contient une photo, portant les indications suivantes : la couleur, la morphologie, le diamètre des taches, aspect et le niveau d'infection. Le pH, la salinité sont constants pour les feuilles saines et malades.

L'ensemble de ces photos, avec leurs caractéristiques, est désigné, en langage informatique, comme une entrée (E_i), faisant référence à des données entrées par l'utilisateur (<https://www.irit.fr/~Julien.Pinquier/Docs/MABS/co/04%20-%20Entrees?mode=html>). Dans ce travail, on leurs a accordé une annotation de E1 à E12. Ainsi, un tableau contenant 1200 entrées a été mis au point, dont nous montrons des parties capturées pour chaque niveau (Tableaux 5 à 9).

Tableau 2. Exemple de feuilles niveau 1.


E1 : Photo	
E2 : Niveau	1
E3 : Feuille/Tige	Feuille
E4 : Couleur	Aucun
E5 : Aspect	Aucun
E6 : Forme	Aucun
E7 : Diamètre	Aucun
E8 : Température	[7-30] °C
E9 : Humidité	[50-100] %
E10 : pH	[5,8-6,5]
E11 : Salinité	[1,9-3,2] g/l
E12 : Sol	Profond

Tableau 3. Exemples de feuilles niveau 2.


E1 : Photo			
E2 : Niveau	2		
E3 : Feuille/Tige	Feuille		
E4 : Couleur	Noir	Vert pale	Brun
E5 : Aspect	Centre nécrotique	Huileux	Centre nécrotique
E6 : Forme	Irrégulière	Circulaire	Non restreinte par les nervures
E7 : Diamètre	Quelques millimètres		
E8 : Température	[15-20] °C		
E9 : Humidité	[75-100] %		
E10 : pH	[5,8-6,5]		
E11 : Salinité	[1,9-3,2] g/l		
E12 : Sol	Profond		

Tableau 4. Exemples de feuilles niveau 3.




E1 : Photo			
E2 : Niveau	3		
E3 : Feuille/Tige	Feuille		
E4 : Couleur	Noir	Vert pale	Brun violacé
E5 : Aspect	Nécrose	Huileux	Duvet blanc
E6 : Forme	Non restreinte par les nervures	Circulaire	
E7 : Diamètre	[1-5] cm		
E8 : Température	[15-20] °C		
E9 : Humidité	[75-100] %		
E10 : pH	[5,8-6,5]		
E11 : Salinité	[1,9-3,2] g/l		
E12 : Sol	Profond		

Tableau 5. Exemple de feuilles niveau 4.

E1 : Photo			
E2 : Niveau	4		
E3 : Feuille/Tige	Feuille		
E4 : Couleur	Brun entourée halo vert pale	Brun	Noir avec halo vert pale
E5 : Aspect	Centre nécrotique	Sec	Centre nécrotique
E6 : Forme	Non restreinte par les nervures	Circulaire	Circulaire
E7 : Diamètre	Plus de 5 cm		
E8 : Température	[15-20] °C		
E9 : Humidité	[75-100] %		
E10 : pH	[5,8-6,5]		
E11 : Salinité	[1,9-3,2] g/l		

E12 : Sol	Profond
-----------	---------

Tableau 6. Exemples de feuilles niveau 5.

E1 : Photo		
E2 : Niveau	5	
E3 : Feuille/Tige	Feuille	
E4 : Couleur	Brun	Brun foncé
E5 : Aspect	Sec	
E6 : Forme	Irrégulier	Non restreinte par les nervures
E7 : Diamètre	La majorité de la feuille	
E8 : Température	[15-20] °C	
E9 : Humidité	[75-100] %	
E10 : pH	[5,8-6,5]	
E11 : Salinité	[1,9-3,2] g/l	
E12 : Sol	Profond	

La construction du deuxième dataset a été réalisée par seulement 13 photos. Afin d'augmenter cette taille, nous avons utilisé des méthodes d'agrandissement de données sur les images du dataset d'entraînement, en employant des techniques de recadrage (Figure 7), pour obtenir plusieurs échantillons de chaque feuille présente dans l'image. Enfin du compte, nous avons obtenu un dataset 2 composé d'images augmentées à partir de 13 photos originales.

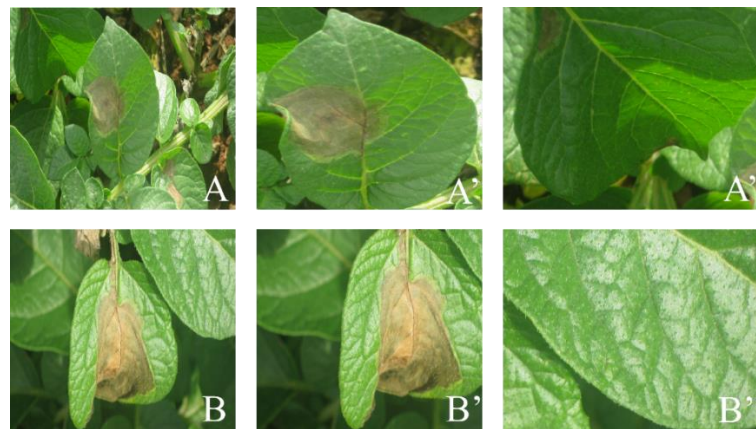







Figure 7. Technique de recadrage pour augmentation utilisée.

A et B représentent les photos originales, A' A'' B' B'' représentent les photos tirées des photos originales.

Les images ont été organisé dans un tableau semblable au tableau du dataset 1 comme suit :

Tableau 7. Exemple du dataset 2.

E1 : Photo					
E2 : Niveau	1	2	3	4	5
E3 : Feuille/Tige	Feuille				
E4 : Couleur	Aucun	Brun foncé	Noir	Brun	
E5 : Aspect	Aucun	Centre nécrotique	Halo vert pale	Sec	
E6 : Forme	Aucun	Circulaire	Non restreint par les nervures	Circulaire	Non restreint par les nervures
E7 : Diamètre	Aucun	Quelques millimètres	[1-5] cm	Plus de 5 cm	La majorité de la feuille
E8 : Température	[7-30] °C	[15-20] °C			
E9 : Humidité	[50-100] %	[75-100] %			
E10 : pH	[5,8-6,5]				
E11 : Salinité	[1,9-3,2] g/l				
E12 : Sol	Profond				

II.3. Prétraitement du dataset

Le prétraitement est un processus de préparation des données brutes et de leur adaptation à un modèle d'apprentissage automatique, Il consiste à transformer les données brutes en un format qui peut être facilement ingéré par les algorithmes de machine learning (Maxwel, 2022).

L'ensemble de données (ou variables), ont été codifiées (Tableau 8). Après avoir affecté à chaque variable un code, le data set a été nettoyé, en autre sens, chaque variable est remplacée par son code (numéro) accordé pour les 1200 lignes du dataset brut, en suivant l'enchaînement suivant : F/T, Couleur, Aspect, Forme, Diamètre, Température, Humidité, Niveau (Figure 8).

Tableau 8. Codification des données.

Attributs	Type	Codage
Photo	Fichier (.png, .jpg)	Vecteur de 16 caractéristiques
Niveau	1, 2, 3, 4, 5	1, 2, 3, 4, 5
Feuille/Tige	Feuille, Tige	1, 2
Couleur	Aucun, Noir, Brun, Brun foncé, Brun violacé, Brun entourée halo vert pale, Vert foncé, Vert pale, Noir avec halo vert pale	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9
Aspect	Aucun, Sec, Nécrose, Huileux, Centre nécrotique, Mort, Translucide, Humide, Duvet blanc, Circulaire, Non restreinte par les nervures, Halo vert pale	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12
Forme	Aucun, Circulaire, Non restreinte par les nervures, Allongées, Irrégulière	1, 2, 3, 4, 5
Diamètre	Aucun, Quelques millimètres, Quelques millimètres à 1cm, [1-5]cm, Plus de 5cm, La majorité de la feuille, La majorité de la feuille atteinte, Majorité de la feuille est affectée, La majorité de la tige est atteinte	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9
Température	[7-30] °C, [15-20] °C	1, 2
Humidité	[50-100] %, [75-100] %	1, 2

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
1	F/T,Couleur,Aspect,Forme,Diamètre,Température,Humidité,Niveau															
2	2,1,1,1,1,1,1,1,1,0															
3	1,1,1,1,1,1,1,1,1,0															
4	1,2,6,5,2,2,2,2,0															
5	1,4,4,2,2,2,2,2,0															
6	1,3,6,3,2,2,2,2,0															
7	2,3,4,4,2,2,2,2,0															
8	1,3,3,2,2,2,2,2,0															
9	1,3,3,2,3,2,2,2,0															
10	1,3,2,3,3,2,2,2,0															
11	1,3,5,2,2,2,2,2,0															
12	1,3,8,2,3,2,2,2,0															
13	1,3,4,2,3,2,2,2,0															
14	1,3,3,2,2,2,2,2,0															
15	1,5,8,2,2,2,2,2,0															
16	1,2,4,2,2,2,2,2,0															
17	1,2,8,2,2,2,2,2,0															
18	1,5,8,2,2,2,2,2,0															
19	1,3,2,2,2,2,2,2,0															
20	1,5,5,2,2,2,2,2,0															

Figure 8. Dataset 1 final nettoyé sur Excel.

II.4. Entraînement des modèles

Les différents modèles (Annexe 1) ont été entraînés avec le dataset 1, en utilisant la validation croisée (cross-validation). Le dataset prétraité est divisé en deux parties : 80 % pour la création et l'entraînement de modèles de classification supervisée, et 20 % pour l'évaluation et la validation des modèles entraînés (Figure 9).

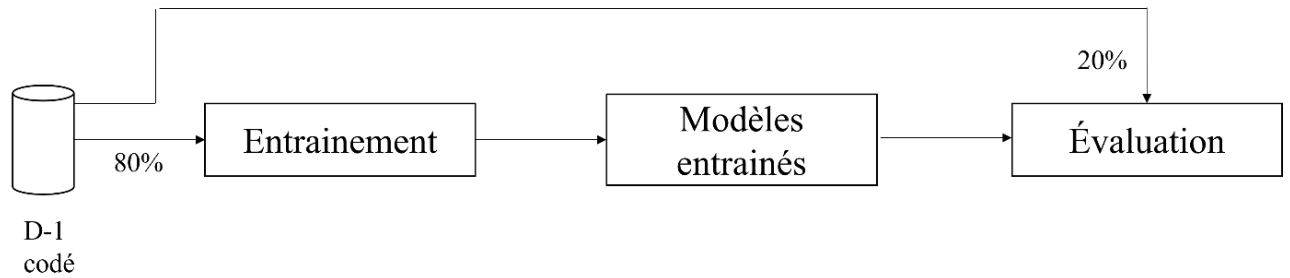


Figure 9. Processus d'entraînement de modèles de ML avec dataset 1.

Un binôme d'étudiantes de la Faculté des Sciences – Université de Blida 1 (Département d'Informatique), sous les orientations des enseignantes ayant encadrées leur projet de fin d'étude (Licence) travaillant sur cette même thématique, ont créé une application Python qui permet de lancer automatiquement l'entraînement de six méthodes de classification simultanément. Grâce à une interface visuelle, l'utilisateur doit ouvrir le fichier d'entrée et définir la variable de sortie. Les résultats principaux des mesures de performance sont ensuite présentés, comme le montre la figure ci-dessous :

Model	Precision	Recall	TP rate	FP rate
KNN	0.93997008421942	0.94029850746268	0.89398429669228	0.0696732026143
SVM	0.98597919493441	0.98507462686567	0.97482124958235	0.0391033623910
Decision Tree	0.98597919493441	0.98507462686567	0.97482124958235	0.0391033623910
Random Forest	0.97525884093048	0.97512437810945	0.92982124958235	0.0478444297956
Naive Bayes	0.82737402610725	0.80371352785145	0.81513154633036	0.1671851990549
Neural Network	1.0	1.0	1.0	0.0

Figure 10. L'interface de l'outil Entraînement.

II.5. Outils d'aide au diagnostic ML

II.5.1. Plate-forme weka

« WEKA », Waikato Environment for Knowledge Analysis est un logiciel libre pour l'analyse de données et l'apprentissage automatique qui est disponible sous la licence GNU General Public License (<https://www.weka.io>) (Figure 11). Le programme d'accompagnement du livre "Data Mining : Practical Machine Learning Tools and Techniques" a été créé à l'Université de Waikato en Nouvelle-Zélande. Il comprend des interfaces graphiques permettant un accès pratique aux tâches d'analyse de données et de modélisation prédictive ; il peut également gérer un certain nombre de tâches communes d'extraction de données, y compris la sélection des caractéristiques, la régression, la classification, le regroupement et la visualisation. (Frank, et al., 2011).



Figure 11. L'interface de la plateforme WEKA.

Pour prédire les niveaux d'infection des échantillons du deuxième dataset, nous avons suivi les étapes suivantes :

- Le fichier CSV (Comma-Separated Values) des données nettoyées est reconverti en fichier ARFF (Attribute-Relation File Format) sur (<https://ilyakuzovkin.com/csv2arff/>), car le format ARFF inclut une section de métadonnées où chaque attribut (colonne) peut être décrit en détail, y compris son type (numérique, nominal, etc.). Cela n'est pas possible avec les fichiers CSV, qui ne contiennent que les données brutes sans description des types d'attributs,
- Entraînement d'un modèle par avec le data set brut nettoyé format ARFF (Eavecimage_23_1002_modified.arff),

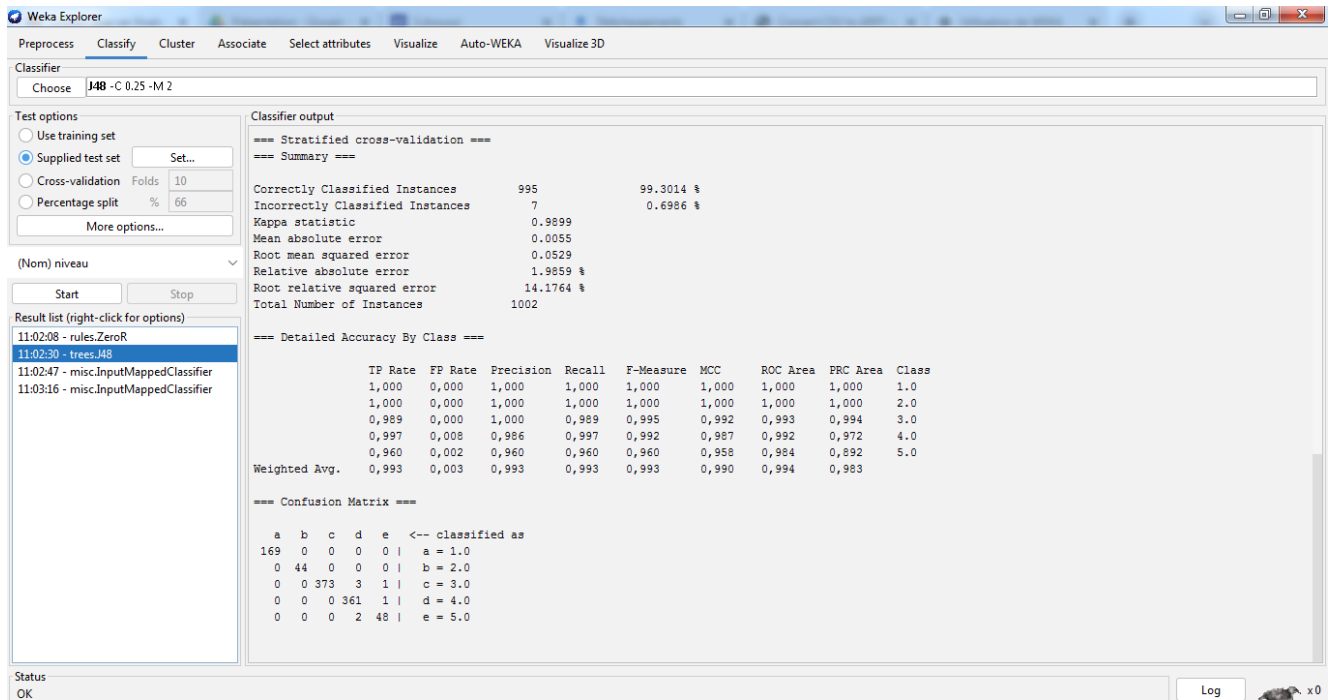


Figure 12. Entrainement du modèle trees..J48.

- Ensuite, utiliser la prédiction pour le deuxième data set, en faisant entrer le fichier <The_unseen_data.arff> supplied test set avec le modèle misc.InputMappedClassifier.
- Le résultat s’affiche dans l’onglet Classifier Oupptu.

II.5.2. Outil d’aide au diagnostic « Image Prédiction »

Avec la collaboration du même binôme d’étudiantes (citée précédemment II.4), Il a été mis en place un outil qui permet de diagnostiquer et de déterminer le niveau d’infection des feuilles des plants de pomme de terre. Cet outil se base sur l’extraction de caractéristiques d’une image à l’aide d’un seul modèle (CNN) (Figure 13).

Afin d’obtenir le niveau d’infection des feuilles du dataset 2 (Figure 14), il suffit de suivre les étapes suivantes :

- Cliquer sur « Load image » afin d’importer l’image désirée,
- Cliquer sur le bouton « predict »,
- Visualiser les résultats obtenus.

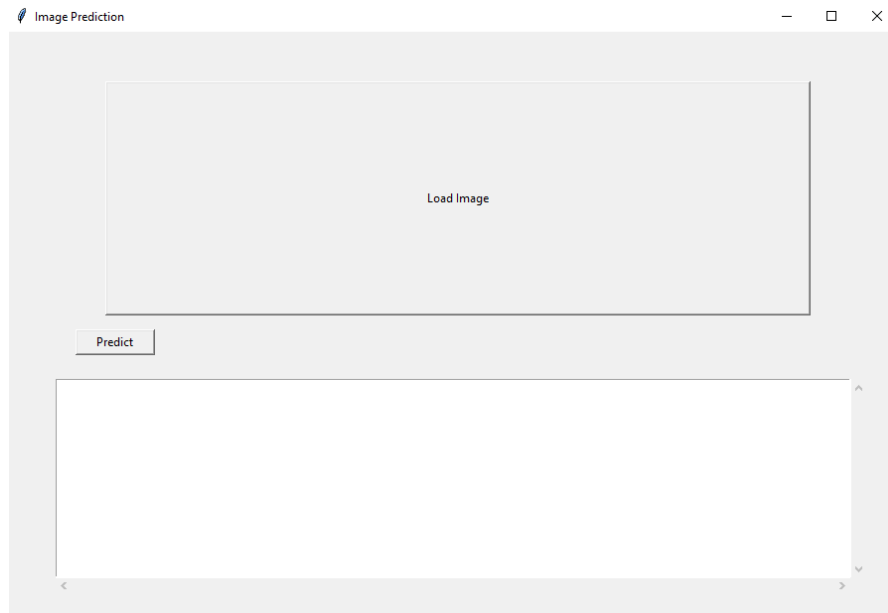


Figure 13. Interface de l'outil « Image Prédiction ».

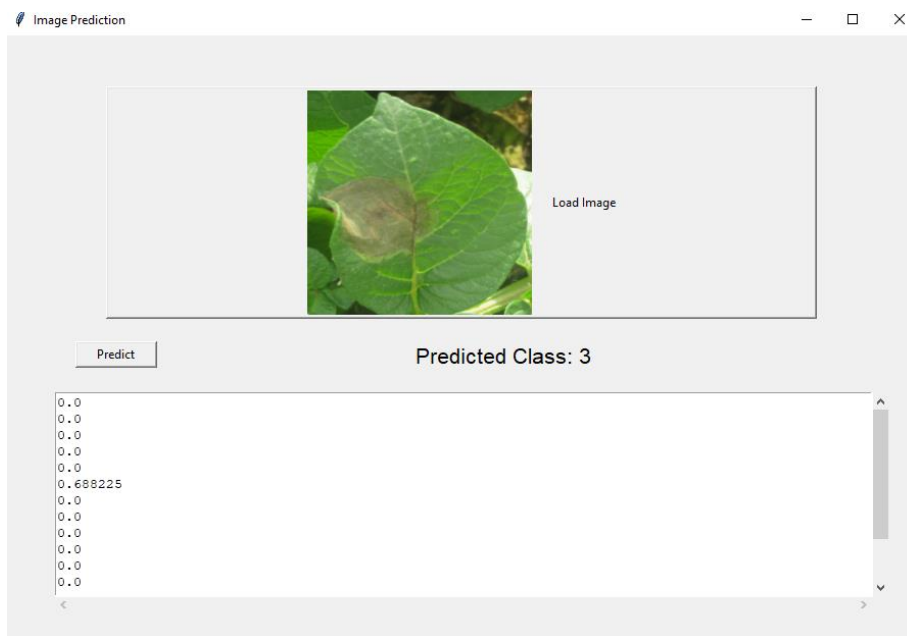


Figure 14. Exemple de résultat de prédiction obtenu par l'outil « Image Prédiction ».

II.5.3. Outil d'aide au diagnostic « Image And Data Prediction »

L'outil, dans sa première version v1, a été développé par le même binôme (II.4), pour prédire le niveau de la maladie du mildiou de pomme de terre. Il utilise l'image (sous forme de fichier jpg ou png) ainsi que les 7 attributs (F/T, Couleur, Aspect, Forme, Diamètre, Température, Humidité) (Tableau 7), pour y ajouter les informations. Il met en évidence le niveau prédictif des 6 modèles simultanément (KNN, SVM, Arbre de décision, forêt aléatoire, réseau de neurones, réseau bayésien naïf) (Figure 15).

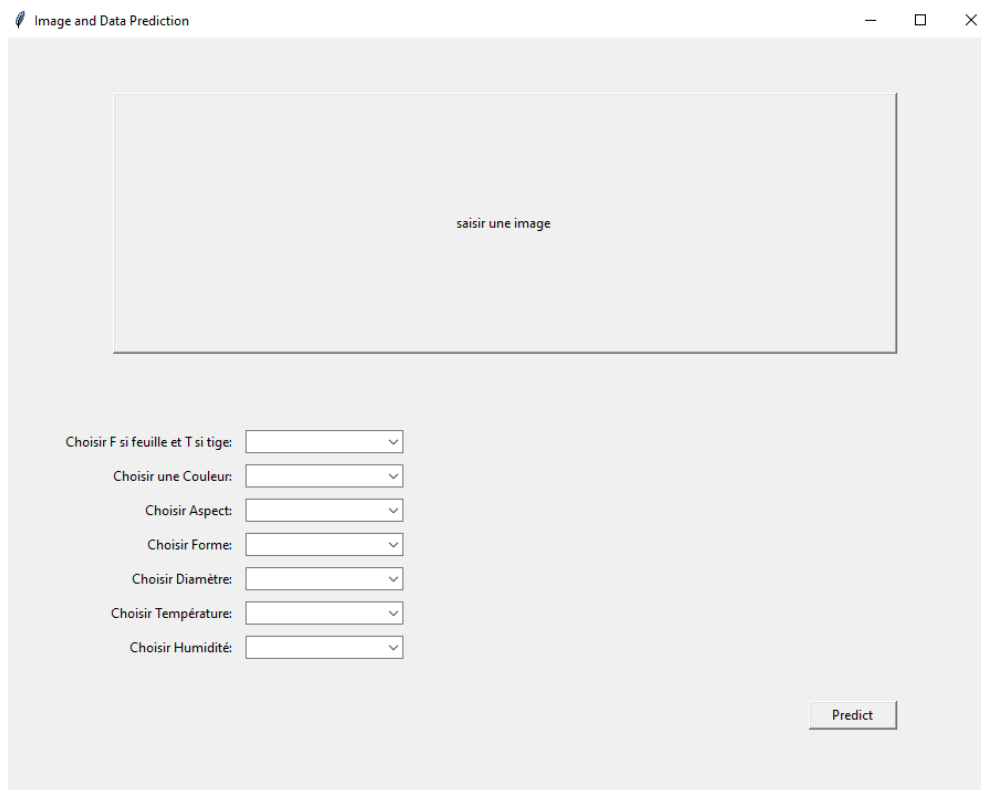


Figure 15. L'interface de l'outil « Image And Data Prediction ».

Afin de diagnostiquer les feuilles de pomme de terre du dataset 2 à l'aide de cet outil, il suffit de suivre les étapes suivantes :

- Saisir l'image que l'on souhaite diagnostiquer,
- Définir les caractéristiques morphologiques et pédoclimatiques,
- Cliquer sur le bouton « predict » et visualiser la prédiction de chaque modèle.

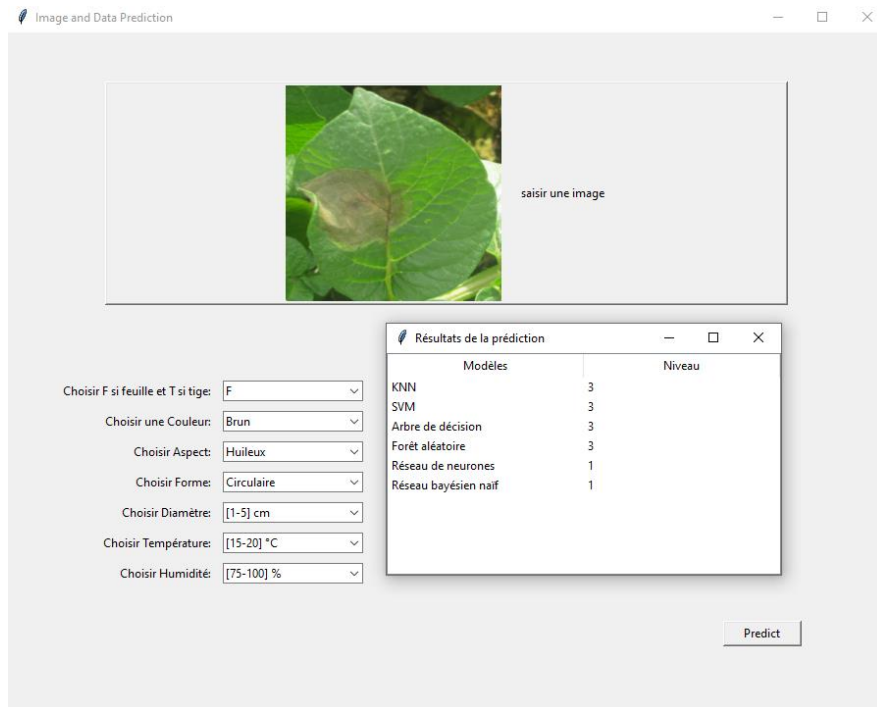


Figure 16.Exemple de résultats de prédiction obtenu par l’outil « Image And Data Prediction ».

Partie III.

Résultats et discussion

Partie III. Résultats et discussion

Dans cette troisième partie, nous présentons les résultats ayant servis pour la réalisation des datasets (1 et 2), permettant de développer l'outil de prédiction de la maladie du mildiou de pomme de terre nommé « **Image and Data Prediction** », selon ses niveaux, suivie des résultats des mesures de performance.

III.1. Résultats

III.1.1. Datasets Réalisés

A partir de la collection de photographies, de symptômes typiques du mildiou de la pomme de terre, issue des différentes sources exploitées dans notre travail (Voir II.2), nous avons conçu deux datasets. Le regroupement des photos s'est fait en fonction des niveaux de l'expression symptomatologique de la maladie, en l'occurrence cinq niveaux (Voir II.2.3 & Tableau 4). Chaque niveau, de 1 à 5, exprime la sévérité de l'infection et les proportions d'atteintes par le mildiou du feuillage des plantes.

Au total, nous avons utilisé 1240 photos : 1200 photos pour Dataset 1, acquises de PlantVillagedatabase (<https://github.com/spMohanty/PlantVillage-Dataset>), et 40 photos, augmentées à partir de 13 photos originales, pour Dataset 2 (Tableau 9). En somme, notre dataset est composé de 40 lignes et nommé « **The_unseen_data.docx** » pour tester et valider les modèles obtenus.

Tableau 9. Composition des datasets.

Nivea de la maladie	Nombre de photos	
	DATASET 1	DATASET 2
1	324	6
2	49	7
3	426	20
4	365	5
5	36	2
Total	1200	40

III.1.2. Paramètres de performances

L'évaluation des performances a été réalisée en comparant les six modèles de l'outil, notamment SVM, KNN, arbre de décision (DT), réseau de neurones (ANN), réseau bayésien naïf (NB) (Annexes 1), avec le meilleur modèle issu de la plateforme WEKA obtenu en utilisant AutoWekaClassifier, et qui est Bayes Net (BN) (Tableau 10).

Tableau 10. Modèles de classification supervisée.

Modèle	Nom de Bibliothèque python	Nom de l'algorithme en Weka
SVM	sklearn.svm	SMoreg
KNN	sklearn.neighbors	IBk
Arbres de décision (DT)	sklearn.tree	Random Tree
Forêt d'arbres (RF)	sklearn.ensemble import RandomForestClassifier	Random Forest
Réseaux de neurones (ANN)	Tensorflow.keras.models Tensorflow.kreas. layers	Multilayer Perceptron
Réseaux bayésien naïf (BN)	sklearn.naive_bayes	Naive Bayes

Le dataset prétraité est divisé en deux parties : 80% pour la création et l'entraînement de modèles de classification supervisée et 20% pour l'évaluation et la validation des modèles entraînés. Pour cela, nous avons réalisé l'entraînement en utilisant une application python que les informaticiens (voir II.4) ont développé et nommé « phyto_entrainement_v1 » permettant d'entraîner les 6 modèles de classification (Annexe 1). Les résultats de performance obtenus des deux outils sont comparés et validés avec un autre outil (standard) de ML qui est WEKA (Tableau 11).

A travers les paramètres sollicités, notamment la précision¹, le rappel² et les taux VP³ et FP⁴, globalement les performances obtenues sont acceptables.

Puis, le même dataset a été utilisé pour calculer les paramètres des mêmes modèles avec WEKA, notamment SVM, KNN, arbre de décision (DT), réseau de neurones (ANN), réseau bayésien naïf (NB), les résultats sont affichés dans le tableau 11.

¹ Précision : la proportion des prédictions positives qui sont effectivement correctes.

² Rappel : mesure la capacité du modèle à détecter les cas positifs.

³ VP : vrai positif, où le modèle prédit positivement et cette prédiction est correcte.

⁴ FP : faux positif, où le modèle prédit positivement mais cette prédiction est incorrecte.

Tableau 11. Paramètres de performances

	Mesures de performance	CNN	SVM	KNN	Arbres de décision	Forêt d'arbres	Réseaux de neurones	Réseaux bayésien naïf	Meilleur modèle
WEKA	Précision	/	0,8372	0,8139	0,5581	0,8604	0,8372	0,8604	BayesNet (En utilisant AutoWeka Classifier)
	Rappel		0,8372	0,8139	0,5581	0,8604	0,8372	0,8604	
	Taux VP		0,8372	0,8139	0,5581	0,8604	0,8372	0,8604	
	Taux FP		0,1627	0,1860	0,4418	0,1395	0,1627	0,1395	
Image Prediction	Précision	0.313	/	/	/	/	/	/	CNN
	Rappel	0.353							
	Taux VP	1.0							
	Taux FP	0.0							
Image and Data Prediction	Précision	/	0,993	0,96	0,88	0,992	0,98	0,98	SVM
	Rappel		0,993	0,96	0,888	0,992	0,98	0,98	
	Taux VP		0,993	0,96	0,888	0,992	0,98	0,98	
	Taux FP		0.003	0,018	0,05	0.004	0,005	0,006	

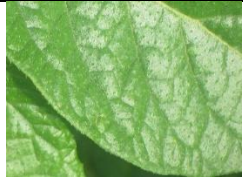

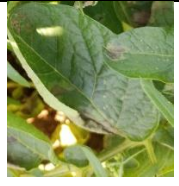


* : VP (Vrais positif) ; FP (Faux positif) ; / : Information Non donnée.

III.1.3. Application des outils d'aide au diagnostique

III.1.3.1. Application de l'outil « WEKA »

Afin de comparer et valider les résultats des outils « Image prediction » et « Image and Data Prediction », nous avons testé le dataset 2 codé en fichier ARFF avec les différents modèles, puis nous avons obtenus les résultats comme suite :

Tableau 12. Exemples de résultats de classification WEKA.






E1 : Photo					
Prédiction biologique	1	2	3	4	5
KNN	1	2	3	3	4
SVM	1	2	3	3	4
Arbre de décision	1	3	3	4	3
Foret aléatoire	1	2	3	3	4
Réseau de neurones	1	2	3	3	4
Réseau bayésien naïf	1	2	3	3	5

Le meilleur modèle de WEKA ayant correctement prédit le niveau est SVM avec 1/40 male prédit, puis les modèles bayes naïf et réseau de neurones avec 4/40 d'erreurs, le modèle KNN dont 6/40 d'erreurs, et arbre de décision avec 16/40 erreurs.

III.1.3.2. Application de l’outil « Image prediction »

Afin de déterminer les différents niveaux d'infection de ces images, nous avons effectué des tests sur les 40 images du Dastaset 2, des exemples de résultats du diagnostic sont affichés dans le tableau suivant :

Tableau 13. Exemple de diagnostic de l’outil « Image prediction ».






E1 : Photos					
Prédiction biologique	1	2	3	4	5
Diagnostic de l’outil	3	1	4	4	4
Interprétation	-	-	-	+	-
Nombre de cas correctement diagnostiqués /40	30				

Notre outil a correctement diagnostiqué 30 images parmi 40 testées.

III.1.3.3. Application de l’outil « Image and Data Prediction »

Afin de déterminer les différents niveaux d'infection de ces images, nous avons effectué des tests sur les 40 images du Dataset 2 ; les informaticiens (II.4) ont ajouté 16 attributs à ceux déjà existants dans l’outil « Image prediction » afin d’augmenter la précision de l’outil. Les exemples de résultats du diagnostic sont affichés dans le tableau suivant :

Tableau 14. Exemple de diagnostic de l’outil « Image and Data Prediction »

E1 : Photo					
Prédiction biologique	1	2	3	4	5
KNN	1	2	3	4	5
SVM	1	2	3	4	5
Arbre de décision	1	2	3	4	5
Foret aléatoire	1	2	3	4	5
Réseau de neurones	1	1	1	1	1
Réseau bayésien naïf	1	1	1	1	1

Le meilleur modèle ayant diagnostiqué correctement le plus grand nombre d'exemples est le modèle Arbre de décision, avec 39/40 cas bien diagnostiqués, suivis par le modèle SVM (38/40), Forest aléatoire (36/40), KNN (32/40). Les mauvais diagnostics, sont le Réseau de neurones (9/40) et le Réseau bayésien naïf (6/40).

III.2. Discussion

Dans notre étude, nous avons opté pour une approche de diagnostic innovante qui implique l'utilisation de deux nouveaux outils. Notre objectif vise un diagnostic précoce qui, réduit le temps et augmente l'efficacité, dans le but de raisonner le recours aux produits chimiques (fongicides anti mildiou) qui ne cessent de polluer notre environnement et alimentation. Le travail s'est articulé sur une étude de symptômes classiques causées par *P. infestans* en interaction avec les conditions pédoclimatiques. En parallèle à cette étape, nous avons tenté d'appliquer, deux outils d'aide au diagnostic spécifiques au mildiou de la pomme de terre, élaborés par nos collaborateurs informaticiens (Sekkal, Sahari, 2024) pour une toute première tentative d'application en Algérie.

Notre étude a montré qu'il est désormais possible de diagnostiquer une plantation en un simple clic. Concernant l'outil « Image Prediction » utilisé initialement pour débiter notre travail, le modèle utilisé (CNN) a montré, des niveaux de précision relativement faible (0.313), avec un taux de Rappel ou recall de 0.353. « Image Prediction » a correctement diagnostiqué 30 images parmi 40 testées. A première vue, il semble être bien précis, mais en réalité, ces 30 cas bien diagnostiqués appartiennent au niveau 3 seulement, il a échoué dans le diagnostic des autres niveaux, ce qui peut être dû au sur apprentissage du modèle vis-à-vis du niveau 3. Le but de ce travail est de diagnostiquer la situation malade avant d'atteindre le niveau 3, donc cet outil ne répond pas à nos objectifs désirés.

Quant à l'outil « Image and Data Prediction », les modèles (KNN, forêt d'arbre, arbre de décision, réseau de neurones et Réseaux bayésien naïf) ont donné des niveaux de précision, recall et TP Rate élevés, et des niveaux de précision, recall et TP Rate acceptables (Tableau 11). Nous constatons que la Précision, recall et le taux de TP sont importants, ce qui indique un overfitting ou sur apprentissage car les valeurs sont supérieures à **0.90/0.95**. Les résultats d'application de l'outil « Image and Data Prediction » ne concordent pas avec les résultats de performance obtenus (Tableau 11), car le meilleur diagnostic devrait se faire par le modèle SVM et non par le modèle arbre de décision.

Tous les algorithmes ont donné presque les mêmes résultats (Tableau 11). Néanmoins, les modèles à réseau de neurones restent inefficaces lors de la validation visuelle des résultats issus des images avec les classes prédites et sont très éloignés par rapport à la réalité biologique. Donc à ce stade, nous pouvons écarter ces modèles malgré qu'ils soient techniquement performants. D'un autre côté les résultats issus des FP sont très faibles et c'est ce que nous attendons à voir car ils sont à l'opposé des valeurs des TPs.

Les résultats de performance (Tableau 11) montrent que l'outil « Image and Data Prediction » dépasse les performances de WEKA pour la plupart des algorithmes sauf pour les réseaux de neurones et réseaux bayésien naïf. Les différences peuvent être dues aux méthodes de prétraitement des données, aux hyperparamètres utilisés, ou à la qualité des implémentations des algorithmes.

L'apparition des premiers symptômes varie en fonction de leur fréquence, de leur taille et de la vitesse de destruction de la plante. Il arrive que les premières lésions du mildiou soient nombreuses et de petite taille, tandis que d'autres fois, on observe quelques lésions, mais de grande taille (Kumar, et al., 2019). Ces symptômes atypiques provoquent, après dessèchement, la cassure des tiges des plantes au niveau de la lésion, causant ainsi des pertes considérables (Lal, 2016).

L'extension de la maladie est favorisée par des nuits froides et des journées modérément chaudes avec une forte humidité. Les périodes de pluie, les irrigations par aspersion et les rosées sont également très propices aux épidémies, et il suffit de 2 heures pour que l'eau se trouve sur les feuilles pour initier une infection (Duniway, 1983). En repérant les foyers du mildiou de la pomme de terre dans les parcelles, il est possible de prendre des décisions éclairées concernant les dates des premières interventions et le choix des fongicides utilisés. Une fois que le mildiou se manifeste, il est nécessaire de réduire les périodes d'application des traitements fongicides en prenant en considération la durée de rétention de chaque produit utilisé. Les fongicides de contact (traitement de couverture) sont utilisés dans la culture lorsque les plants ont une hauteur comprise entre 10 et 15 cm. Il est important de répéter ces applications régulièrement en cas d'apparition de nouvelles feuilles. Les fongicides translaminaires et systémiques sont utilisés pendant la période de croissance intense de la plante jusqu'au défanage pour prévenir la formation de spores qui peuvent être entraînées par les eaux pluviales vers les graines. En général, on utilise les fongicides systémiques en combinaison avec des fongicides de contact afin d'éviter la formation de résistance de l'agent pathogène (Davidse et al., 1989).

De ce fait, Notre étude vise à diagnostiquer le mildiou de la pomme de terre surtout dans ces premiers stades, c'est-à-dire dès le niveau 2 de la maladie, cependant, l'outil « Image prediction » semble incapable de détecter la maladie à ce stade. Contrairement, l'outil « Image and Data Prediction » a montré des résultats satisfaisant pour la majorité des modèles, sauf le Réseau de neurones et Réseau bayésien dont leurs résultats sont à mettre à l'écart.

Les niveaux d'infection 4 et 5 sont peu significatifs en matière de prévention de la maladie sur le terrain. Cependant, ils peuvent servir à identifier les foyers de développement de la maladie (foyers épidémiologiques). Il est donc important de faire attention lors de la détermination des seuils 2^{ème} ou 3^{ème} niveau de la maladie, car cela détermine le nombre de traitements de fongicides à appliquer sur le terrain.

En effet, la gestion efficace des traitements phytosanitaires implique l'application de fongicides puissants (curatifs), avant les périodes climatiques critiques, notamment durant le mois d'avril. Si les conditions climatiques et culturelles (temps pluvieux, stress hydrique de la culture, sol boueuse...) font un obstacle devant l'anticipation des traitements, l'utilisation d'un fongicide anti-sporulant juste après la période critique est nécessaire pour retarder l'entrée dans la phase de développement épidémiologique ; à partir de laquelle le seul moyen de lutte (fongicide) devient inefficace. Le gain de temps pour que les agriculteurs réagissent aux moments opportuns, peut être obtenu par l'utilisation de variétés de pomme de terre moyennement résistantes à résistantes. Pour cela, la sélection de géotypes végétaux qui s'adaptent à nos besoins (sociaux et commerciaux) est un enjeu primordial pour réduire le nombre de traitements, tout en assurant leur efficacité (Abderrahmane, 2021).

Les résultats de l'application de l'outil « Image and Data Prediction » sont relativement acceptables par rapport aux résultats de l'outil « Image prediction » qui sont imprécis lors des premiers stades d'infection, et les résultats de performance montrent que l'outil « image and data » dépasse les performances de WEKA pour la plupart des modèles. Le savoir acquis à partir des résultats de notre étude peut aider les producteurs de pomme de terre à diagnostiquer en un temps très court le niveau d'infection de leurs plantations, et à prendre de bonnes décisions concernant la gestion durable de la culture de pomme de terre. L'ajustement et l'adaptation d'un modèle prévisionnel, applicable dans nos régions, nécessite en premier lieu l'installation de stations météorologique de proximité, en fonction de la gravité de la maladie et des superficies cultivées. Aussi, l'implication des organismes scientifiques et de recherche

devient plus qu'indispensable pour pallier aux épidémies de mildiou, notamment avec l'élargissement des régions de culture de pomme de terre en Algérie.

Conclusion

Conclusion

Le mildiou de la pomme de terre causée par *Phytophthora infestans* est une maladie ancienne et l'une des plus destructrices des cultures de pomme de terre, très étudiée depuis plus d'un siècle, engendrant en Irlande la mort de plus d'un million et l'émigration d'autres millions.

Malgré le développement de diverses stratégies de lutte, et l'amélioration de cultivars relativement résistants ou tolérants, la lutte chimique reste la plus sollicitée, mais ses conséquences sont graves sur l'environnement et la santé des consommateurs. Le développement épidémiologique reste un souci majeur et l'itinéraire technique de la culture de la pomme de terre favorise, en la présence de conditions climatiques favorables, l'explosion rapide des cycles épidémiques causant des pertes entières en production avec des retombées négatives sur les cycles futurs de production (préservations des inoculas primaires et sources de primo-infections...etc.). Donc, le diagnostic précoce et la mise en place de dispositifs de veille sont actuellement des éléments incontournables pour la maîtrise et le contrôle de cette pathologie végétale.

Dans ce contexte, l'objectif principal de notre travail est de développer un outil de diagnostic moderne. En collaboration avec le département d'informatique, nous sommes parvenus à mettre en place un outil d'aide au diagnostic qui permet de :

- Collecter des données, sous forme d'images numériques des symptômes de mildiou de pomme de terre prises en temps réel sur terrain,
- Classifier automatiquement et rapidement les différents niveaux d'infection,
- Détection précoce des tous premiers foyers d'infection,
- Appuyer les décisions d'intervention et de prise de décisions phytopathologiques et agronomiques,
- Optimiser l'utilisation des fongicides afin réduire les impacts néfastes sur l'environnement et les couts liés à l'utilisation excessive des produits chimique.

Le suivi des symptômes visibles de la maladie et des recherches bibliographiques nous ont permis de diviser les niveaux d'infection de la maladie en 5, qui se manifestent dans des conditions climatiques humides et chaudes avec un ciel couvert.

Les deux outils employés ont donné des résultats variables à cause des différences de leur précision. L'outil « Image prediction » n'a pas pu diagnostiquer les niveaux 1 et 2, 4 et 5 de la maladie, avec une précision de 0.313, ces résultats ne répondent pas à notre problématique, et

donc cet outil a été écarté. Quant à l'outil « Image and Data Prediction », ces différents modèles de classification ont donné de bons résultats dans le diagnostic des différents niveaux de la maladie ; le meilleur modèle SVM a présenté une précision et un rappel de 0,993, avec un taux de VP de 0,993 et un taux de FP de 0.003, quant aux autres modèles, ils ont présenté des résultats similaires, ces résultats montrent que cet outil dépasse les performances de WEKA pour la plupart des algorithmes sauf pour les réseaux de neurones et réseaux bayésien naïf. Lorsque l'outil affiche un niveau 2 d'infection, et coïncide avec les conditions météorologiques favorables pour le développement du mildiou, il existe un fort risque qu'une épidémie est en cours de déclenchement. Donc, Il est utile de répertorier tous les foyers d'infection, en employant l'outil « Image and Data Prediction » pour qu'on puisse estimer avec exactitude le risque qu'ils constituent, et appliquer des doses adéquate de fongicide.

Le développement de cet outil d'aide au diagnostic et à la décision pour le mildiou de la pomme de terre représente une étape majeure qui s'intègre dans les orientations modernes des pratiques agronomiques de l'agriculture durable et de précision. Donc, la détection précoce et la gestion assistée par les techniques de l'IA vont contribuer non seulement à la réduction des pertes économiques mais aussi à la protection de l'environnement. La technologie, couplée aux pratiques agricoles traditionnelles, ouvre la voie à une nouvelle ère de gestion intégrée des cultures, garantissant une sécurité alimentaire accrue et une meilleure résilience face aux défis phytosanitaires.

L'outil développé ouvre des perspectives intéressantes pour l'avenir, tels que :

- Avec l'accumulation de nouvelles données et des avancées technologiques, l'outil peut être continuellement amélioré pour offrir des diagnostics encore plus précis et rapides.
- Optimiser les datasets fournis et les équilibrer afin d'obtenir des résultats plus fiables, précis et différencier entre les différentes phytopathologies.
- Comparer l'outil d'aide au diagnostic avec un travail expérimental dans des conditions contrôlées en laboratoire.
- Le cadre technologique peut être adapté pour diagnostiquer d'autres maladies de cultures, augmentant ainsi la polyvalence de l'outil.
- L'outil peut être intégré avec d'autres technologies agricoles, telles que les drones et les biocapteurs, pour offrir une solution complète de gestion de cultures.

Références bibliographiques

Références bibliographiques

- «Réseaux de Neurones Fuzzy,» [En ligne]. Available: chrome-extension://efaidnbmnnnibpcajpcglclefindmkaj/http://frostiebek.free.fr/docs/Reseaux%20de%20neurones/RNF_fzy.pdf.
- ABDERRAHMANE Omar, (2021). Le mildiou de la pomme de terre : facteurs épidémiologiques, caractérisation des populations de *Phytophthora infestans* et gestion durable de la stratégie de control par modélisation des risques.
- Abderrahmane, O., Benchabane, M., 2017. Epidemiology and risk factors of potato late blight in Algeria [Conference poster]. Presented at the Proceedings of the Sixteenth EuroBlight Workshop, 14-17 May 2017, Aarhus, Denmark, Applied Arable and Vegetable Research (Praktijkonderzoek AGV), pp. 223– 226.
- Abderrahmane, O., Benchabane, M., 2017. Epidemiology and risk factors of potato late blight in Algeria [Conference poster]. Presented at the Proceedings of the Sixteenth EuroBlight Workshop, 14-17 May 2017, Aarhus, Denmark, Applied Arable and Vegetable Research (Praktijkonderzoek AGV), pp. 223– 226.
- Agrios, G. N. (2005). Plant pathology. Elsevier.
- Andrivon, D., Lebreton, L., Laurent, C., & Duvauchelle, S. (1998). *Phytophthora infestans*: des populations en évolution. *Phytoma La Defense des Vegetaux (France)*.
- B. EL.Kessab, C. Daoui et B. Bouikhalene, «Moroccan-style PlateS Recognition Based on Support Vectors Machines,» 2015. [En ligne]. Available: Kessab, B. EL; C. Daoui; B. Bouikhalene.
- B.V.Dasarathy, Nearest Neighbour (NN) norms: NN Pattern Classification Technique, Los Alamitos, CA: IEEE Computer Society Press , 1991.
- Beakes, G. W., Glockling, S. L., & Sekimoto, S. (2012). The evolutionary phylogeny of the oomycete “fungi”. *Protoplasma*, 249, 3-19.
- Bengtsson, T. (2013). Boosting potato defence against late blight. *Alnarp: Acta Universitatis Agriculturae Sueciae*.
- Beytullah Soylav, «Wath is SVM Classification ?,» Medium, [En ligne]. Available: <https://beytullahsoylev.medium.com/what-is-svm-classification-36d9f2ffbcc4>.
- Bouwmeester, K., & Govers, F. (2009). A novel method for efficient and abundant production of *Phytophthora brassicae* zoospores on Brussels sprout leaf discs. *BMC Plant Biology*, 9, 1-7.

- Braguigua, A., Zahir, I., Youness, S., Fikri, N., & Youss, B. (2020). Prospection des maladies microbiennes de l'olivier dans la région Tadla-Azilal. *Revue Marocaine des Sciences Agronomiques et Vétérinaires*, 8(3).
- Caroline De Schaetzen, « PAO et terminographie », *Meta*, Les Presses de l'Université de Montréal, vol. 36, n° 1, mars 1991, p. 192–200
- Caulier, S., Gillis, A., Colau, G., Licciardi, F., Liépin, M., Desoignies, N., ... & Bragard, C. (2018). Versatile antagonistic activities of soil-borne *Bacillus* spp. and *Pseudomonas* spp. against *Phytophthora infestans* and other potato pathogens. *Frontiers in microbiology*, 9, 143.
- Cooke L R, Schepers HTAM, Hermansen A, Bain R A, Bradshaw N J, Ritchie F, Shaw D S, Evenhuis A, Kessel G J T, Wander J G N, Andersson B, Hansen J G, Hannukkala A, Nærstad R, Nielsen B J (2011) Epidemiology and Integrated Control of Potato Late Blight in Europe. *Potato Research* 54:183– 222.
- Corbière, R., Rekad, F. Z., Galfout, A., Andrivon, D., & Bouznad, Z. (2010). Phenotypic and genotypic characteristics of Algerian isolates of *Phytophthora infestans*.
- Dam Salvail-Bérard, « Réseaux de neurones, » 6 septembre 2016. [En ligne].
- Dancey, S. R., Skelsey, P. E. T. E. R., & Cooke, D. E. (2017). The Hutton Criteria: a classification tool for identifying high risk periods for potato late blight disease development in Great Britain.
- DataScientest, «Random Forest Definition,» DataScientest, [En ligne]. Available: <https://datascientest.com/random-forest-definition> .
- Davidse, L. C., Henken, J., Van Dalen, A., Jespers, A. B. K., & Mantel, B. C. (1989). Nine years of practical experience with phenylamide resistance in *Phytophthora infestans* in the Netherlands. *Netherlands Journal of Plant Pathology*, 95, 197-213.
- Dominique, B., 2009. Les maladies de la tomate. Identifier, connaître, maîtriser. Ed. Quae, c/o Inra. Versailles.
- F. ZAIZ, «Les Supports Vecteurs Machines (SVM) pour la reconnaissance des caractères manuscrits arabes,» Université Mohamed Khider – BISKRA, 2016.
- FAO, Year of potato, 2008
- FAOSTAT, 2008. Food And Agriculture Organization of the United Nations, Agricultural statistics. Available at: <http://faostat,fao.org/>.
- FAOSTAT, 2020. Available at: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>.

- Fisher, M. C., Henk, D. A., Briggs, C. J., Brownstein, J. S., Madoff, L. C., McCraw, S. L., & Gurr, S. J. (2012). Emerging fungal threats to animal, plant and ecosystem health. *Nature*, 484(7393).
- Frank, Eibe; Hall, Mark A.; Pal, Christopher J. (2011). "Data Mining: Practical machine learning tools and techniques, 3rd Edition". Morgan Kaufmann, San Francisco (CA). Retrieved 2011-01-19.
- Fry, W. (2008). Phytophthora infestans: the plant (and R gene) destroyer. *Molecular plant pathology*, 9(3), 385-402.
- Fry, W.E., 2012. Principles of plant disease management. Academic Press.
- Gaucher, D., Martin, A., Jaunatre, V., & Beauvallet, G. (2011). Evaluation of alternative treatments with plant defenses stimulants against late blight of potato.
- GeeksforGeeks, «andom Forest Classifier using Scikit-learn,» GeeksforGeeks, [En ligne]. Available: <https://www.geeksforgeeks.org/random-forest-classifier-using-scikit-learn/>.
- Guéneq, N. (2009). Méthodologies pour la création de connaissances relatives au marché chinois dans une démarche d'Intelligence Économique: application dans le domaine des biotechnologies agricoles (Doctoral dissertation, Université Paris-Est).
- Haverkort, A. J., Boonekamp, P. M., Hutten, R., Jacobsen, E., Lotz, L. A. P., Kessel, G. J. T., ... & Van der Vossen, E. A. G. (2008). Societal costs of late blight in potato and prospects of durable resistance through cisgenic modification. *Potato research*, 51, 47-57.
- Jiang, R. H., & Tyler, B. M. (2012). Mechanisms and evolution of virulence in oomycetes. *Annual review of phytopathology*, 50, 295-318.
- Judelson, H. S., & Blanco, F. A. (2005). The spores of Phytophthora: weapons of the plant destroyer. *Nature Reviews Microbiology*, 3(1), 47-58.
- Kessel, G. J. T., & Förch, M. G. (2006). Effect of UV-exposure on germination of sporangia of Phytophthora infestans. *Wageningen, PRI*, 11.
- Lal M, Sharma S, Yadav S, Kumar S. 2019. Management of Late Blight of Potato <http://dx.doi.org/10.5772/intechopen.72472>. p85.
- Lal M. 2016. Fungal foliar diseases of potato and their management (Course on disease and pest management in potato compiled and produced by Sanjeev Sharma, Vinay Sagar, Ravinder Kumar, Sridhar Jandrajupalli, Dhiraj Kumar Singh) published by ICAR-CPRI Shimla. pp. 22-27.
- Lal, M., Yadav, S., Sharma, S., Singh, B. P., & Kaushik, S. K. (2017). Integrated management of late blight of potato. *Journal of Applied and Natural Science*, 9(3), 1821-1824.

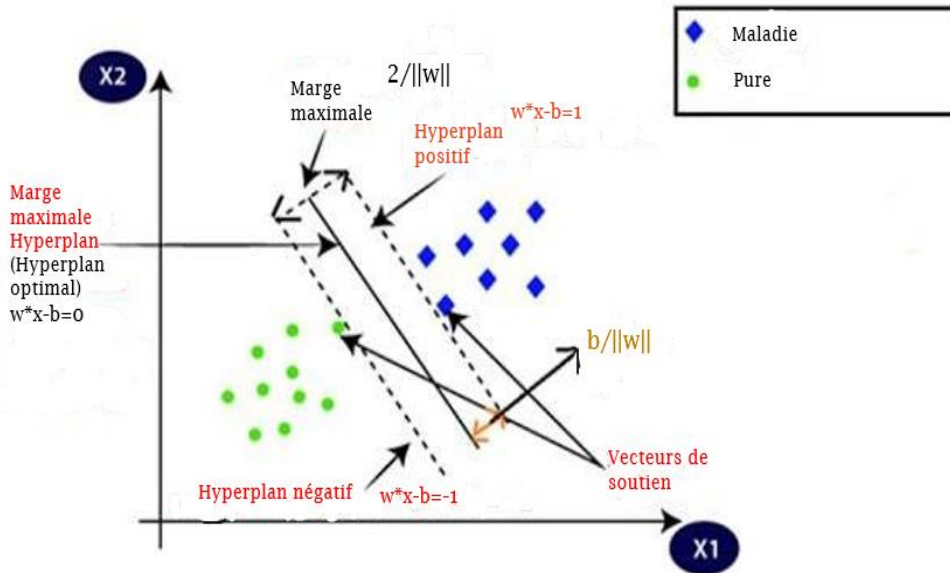
- Martin, F. N., Blair, J. E., & Coffey, M. D. (2014). A combined mitochondrial and nuclear multilocus phylogeny of the genus *Phytophthora*. *Fungal genetics and Biology*, 66, 19-32.
- Mills, D. J., & Beed, F. D. (2016). *Phytophthora* diagnostics: Conventional methods.
- Nowicki, M., Foolad, M. R., Nowakowska, M., & Kozik, E. U. (2012). Potato and tomato late blight caused by *Phytophthora infestans*: an overview of pathology and resistance breeding. *Plant disease*, 96(1), 4-17.
- OpenAI, 2024 [Logiciel] available : <https://chatgpt.com/c/155c7b42-14cc-4529-827b-b600ed7ebb2f>.
- Pathak, N., & Clarke, D. D. (1987). Studies on the resistance of the outer cortical tissues of the tubers of some potato cultivars to *Phytophthora infestans*. *Physiological and molecular plant pathology*, 31(1), 123-132.
- Pieterse, C. M., Verbakel, H. M., Spaans, J. H., Davidse, L. C., & Govers, F. (1993). Increased expression of the calmodulin gene of the late blight fungus *Phytophthora infestans* during pathogenesis on potato. *Mol. Plant-Microbe Interact*, 6, 164-172.
- Platt, R., 2008. Maladies de la pomme de terre causées par des oomycètes. Cahiers Agricultures 17, 361–367.
- R. Rakotomalala, «Arbres de décision,» vol. 33, n° 01 , p. 163–187, 2005.
- Radtke, W., & Rieckmann, W. (Eds.). (1991). Diseases and pests of the potato.
- Raphael Kassel, Qu'est-ce qu'un dataset, Comment le manipuler, 2021.
- Rhona Maxwell, Prétraitement des données dans le Machine Learning, 2022
- Ristaino, J. B., & Duniway, J. M. (1991). The impact of *Phytophthora* root rot on water extraction from soil by roots of field-grown processing tomatoes. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 116(4), 603-608.
- Sedegui, M., Carroll, R. B., Morehart, A. L., Evans, T. A., Kim, S. H., Lakhdar, R., & Arifi, A. (2000). Genetic structure of the *Phytophthora infestans* population in Morocco. *Plant Disease*, 84(2), 173-176.
- Sekkal, Sahari, 2024, Étude et Comparaison des Algorithmes de Classification Supervisée pour un Outil d'aide au Diagnostic de la Maladie du Mildiou de Pomme de Terre.
- Small, I.M., Joseph, L., Fry, W.E., 2015. Development and implementation of the BlightPro decision support system for potato and tomato late blight management. *Computers and Electronics in Agriculture* 115, 57–65.
- Suffert, F. (2003). Utilisation volontaire d'agents phytopathogènes contre les cultures. *Phytoma*, 8-12.
- Victorri, Bernard, Le connexionnisme, 2006.

- Vincent, C., & Panneton, B. (2001). Les méthodes de lutte physique comme alternatives aux pesticides. *VertigO-la revue électronique en sciences de l'environnement*, 2(2).
- Witten, Ian H.; Frank, Eibe; Hall, Mark A.; Pal, Christopher J. (2011). "Data Mining: Practical machine learning tools and techniques, 3rd Edition". Morgan Kaufmann, San Francisco (CA). Retrieved 2011-01-19.
- www.ncbi.nlm.nih.gov, 2024
- Zwankhuizen, M. J., Govers, F., & Zadoks, J. C. (1998). Development of potato late blight epidemics: disease foci, disease gradients, and infection sources. *Phytopathology*, 88(8), 754-763.

Annexes

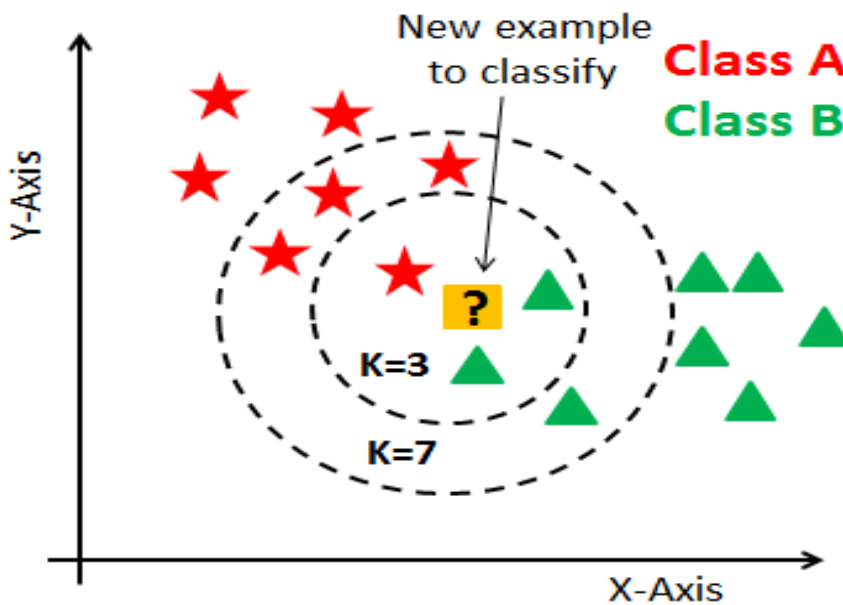
Annexe 1

1.1 Machines à Vecteur de Support



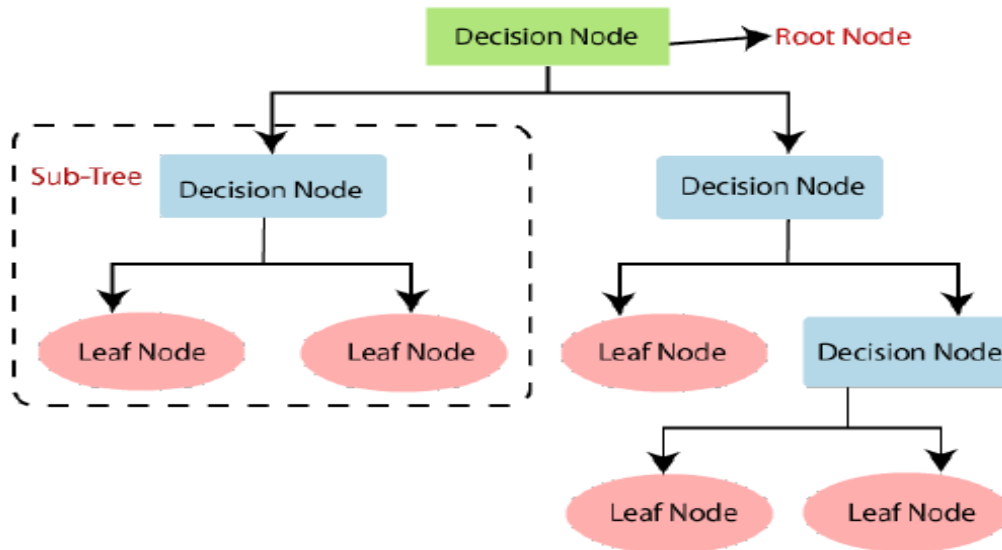
Fonctionnement des machines à vecteurs de support (Beytullah, 2020).

1.2.K-Plus Proches Voisins (k-PPV)



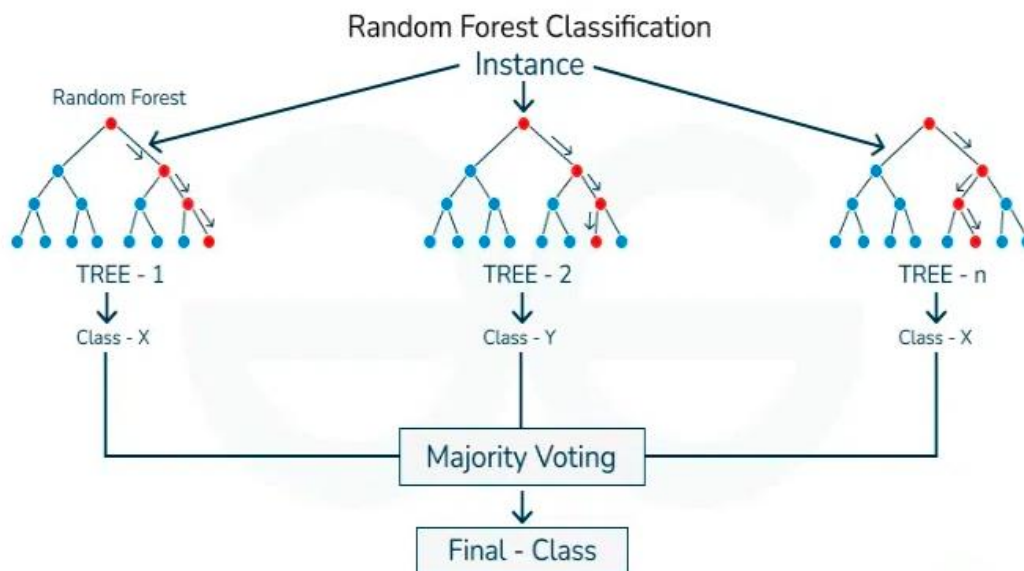
Exemple de KNN (Dasarathy, 1991).

1.3. Les arbres de décision



Structure générale d'un arbre de décision (Rakotomalala, 2005)

1.4. Forêt d'arbres



Exemple d'arbre de décision (<https://www.geeksforgeeks.org/random-forest-classifier-using-scikit-learn/>).

1.5. Réseaux de neurones

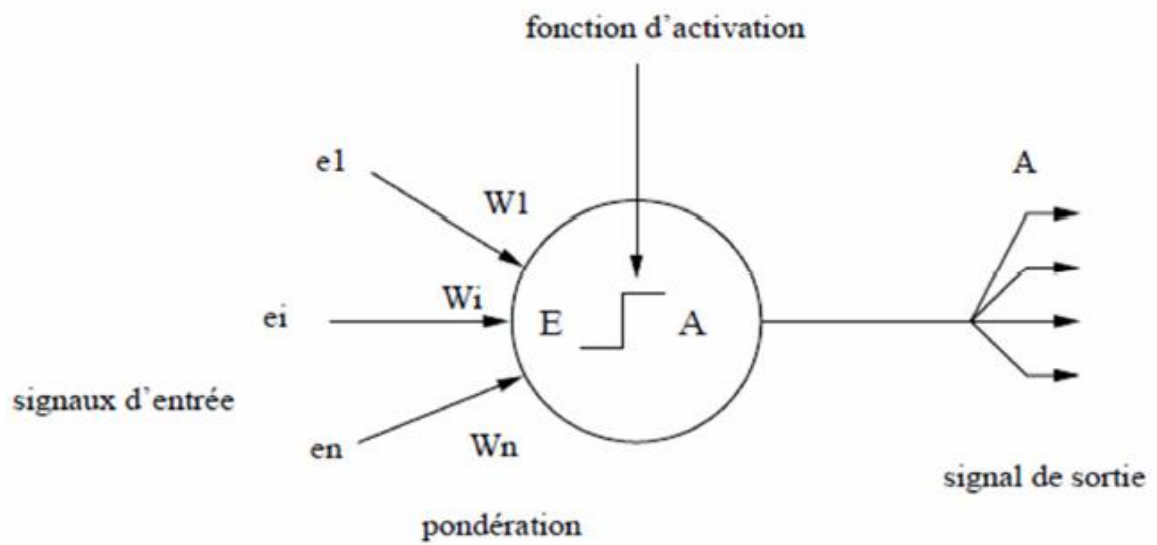










Schéma d'un neurone formel (Victorri, Bernard, 2006).





(http://frostiebek.free.fr/docs/Reseaux%20de%20neurones/RNF_fzzy.pdf).




Annexe 2






2.1. Prédiction de l'outil WEKA




Photo	Niveau	KNN	SVM	DT	RF	Bayes N	Neurone
	1	1	1	1	1	1	1
	1	1	1	1	1	1	1
	1	1	1	1	1	1	1
	1	1	1	1	1	1	1




	1	1	1	1	1	1	1
	1	1	1	1	1	1	1
	2	2	2	3	2	2	2
	2	3	2	4	2	2	2




	2	2	2	3	2	2	2
	2	3	2	3	2	2	2
	2	2	2	3	2	2	2
	2	2	2	3	2	2	2






	2	2	2	3	2	2	2
	3	3	3	3	3	3	3
	3	3	3	3	3	3	3






	3	3	3	3	3	3	3
	3	3	3	3	3	3	3
	3	3	3	3	3	3	3
	3	3	3	3	3	3	3
	3	3	3	4	3	3	3

	3	3	3	4	3	3	3
	3	3	3	3	3	3	3
	3	3	3	3	3	3	3









	3	3	3	3	3	3	3
	3	3	3	3	3	3	3
	3	3	3	3	3	3	3

	3	3	3	3	3	3	3
	3	3	3	3	3	3	3
	3	3	3	4	3	3	3






	3	3	3	4	3	3	3
	3	3	3	3	3	3	3
	3	3	3	3	3	3	3
	3	3	3	4	3	3	3
	4	3	3	3	3	3	3








	4	3	3	4	3	3	3
	4	3	3	3	3	3	3
	4	4	3	5	5	5	5
	4	4	4	4	4	4	4
	5	4	4	3	4	4	5

2.2. Diagnostic de l'outil « Image prediction »

Échantillon	Prédiction biologique	Prédiction de l'outil	Interprétation
	3	3	+
	2	1	-
	3	4	-
	1	3	-
	4	4	+
	5	4	-
	1	3	-
	3	3	+
	2	4	-
	3	3	+
	1	3	-


	3	3	+
	3	3	+
	3	3	+
	3	3	+
	2	3	-
	3	3	+
	1	3	-
	3	3	+
	2	3	-
	3	3	+











	3	3	+
	3	3	+
	3	3	+
	2	3	-
	2	1	-
	2	3	-
	3	3	+
	3	3	+
	2	3	-
	1	3	-
	4	3	-










	5	3	-
	4	3	-
	4	3	-
	3	3	+
	3	1	-
	3	3	+
	3	3	+
	3	3	+









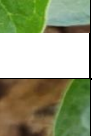
* (+) : meme diagnostic, (-) : diagnostic incorrect.









2.3. Diagnostic de l'outil « Image and Data Prediction »




Échantil lon	Diagnost ic	KNN	SVM	Arbre de décision	Foret aléatoire	Réseau de neurone s	Réseau bayésien naïf
	3	3	3	3	3	1	1

	2	3	2	2	3	1	1
	3	3	3	3	3	1	1
	1	1	1	1	1	1	1
	4	4	4	4	4	1	1
	5	5	5	5	5	1	1
	1	1	1	1	1	2	1
	3	3	3	3	3	5	1
	2	3	3	3	3	1	1
	3	3	3	3	3	2	1
	1	1	1	1	1	1	1

	3	3	3	3	3	1	1
	3	3	3	3	3	1	1
	3	3	3	3	3	3	1
	3	3	3	3	3	1	1
	2	2	2	2	2	1	1
	3	3	3	3	3	3	1
	1	1	1	1	1	1	1
	3	3	3	3	3	1	1
	2	3	2	2	2	3	1

	3	3	3	3	3	1	1
	3	3	3	3	3	1	1
	3	3	3	3	3	1	1
	3	3	3	3	3	1	1
	2	3	2	2	3	4	1
	2	3	2	2	3	1	1
	2	3	2	2	2	1	1
	3	4	3	3	3	3	1
	3	3	3	3	3	1	1

	2	3	2	2	2	1	1
	1	1	1	1	1	1	1
	4	4	4	4	4	3	1
	5	5	5	5	5	1	1
	4	4	5	4	4	1	1
	4	4	4	4	4	1	1
	3	3	3	3	3	3	1
	3	3	3	3	3	1	1

	3	3	3	3	3	1	1
	3	3	3	3	3	1	1
	3	3	3	3	3	1	1