



الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية

RÉPUBLIQUE ALGÉRIENNE DÉMOCRATIQUE ET POPULAIRE

وزارة التعليم العالي و البحث العلمي

MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE



Université des Frères Mentouri Constantine  
Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie

جامعة الاخوة منتوري قسنطينة  
كلية علوم الطبيعة والحياة

**Département :** Biologie et Ecologie Végétale

قسم : البيولوجيا و علم البيئة النباتية

**Mémoire présenté en vue de l'obtention du Diplôme de Master**

**Domaine :** Sciences de la Nature et de la Vie

**Filière :** Biotechnologies

**Spécialité :** Biotechnologie et Génomique Végétale

**Intitulé :**

---

**Étude moléculaire de protéines impliquées dans l'adaptation du blé dur (*Triticum durum* Desf.) au stress hydrique  
(Approche *in silico*).**

---

**Présenté et soutenu par : TEBBAL Khadidja**

**Le: 27-06- 2018**

**Jury d'évaluation :**

**Président du jury: Dr. KECHID Maya**

**Maitre de Conférences INATAA Constantine1**

**Rapporteur: Dr. KACEM N Sandra**

**Maitre de Conférences UFM Constantine**

**Examineurs: Dr. HAML A Chourouk**

**Maitre de Conférences UFM Constantine**

*Année universitaire*

*2017 - 2018*

## **Remerciement**

*Je remercie avant tout **ALLAH** tout puissant, de m'avoir guidé toutes les années d'étude et m'avoir donné la volonté, la patience et le courage pour terminer ce .travail*

*J'adresse l'expression de mes très vives gratitudee et respects à Mme **KACEM Nadia Sandra**, maître de Conférences à l'université des frères Mentouri Constantine pour avoir accepté d'encadrer ce travail pour ses conseils utiles, et son aide ainsi que pour sa .compréhension et sa gentillesse*

*Je remercie également*

*Mme **KECHID Maya** maître de Conférences à L'Institut de la Nutrition, de l'Alimentation et des Technologies Agro-Alimentaires (INATAA) pour avoir bien voulu présider le jury ainsi que Mme **HAMLA Chourouk**, maître de Conférences à l'université des frères Mentouri Constantine pour examiner et juger ce travail.*

## *Dédicace*

*À la lumière de mes jours, la source de mes efforts, qui a œuvrée pour ma réussite, de par son amour, son soutien, tous les sacrifices consentis et ses précieux conseils, **Maman** que j'adore.*

*À mon exemple éternel, qui peut être fière et trouver ici le résultat de longues années de sacrifices et de privations pour m'aider à avancer dans la vie. Puisse Dieu faire en sorte que ce travail porte ses fruit ; Merci **Papa** pour les valeurs nobles, l'éducation et le soutien permanent venu de toi.*

*À ma grande mère **Aïcha***

*Et à Ma tante **Naïma**...*

*Que dieu leur procure une bonne santé et longue vie.*

*A ma sœurs **Imen**, mes frères **Fethi**, **Seif***

***M ed Cherif**, **Taki eddine** et **Salah eddine** qui étaient toujours à mes côtés Aux personnes qui n'ont cessé d'être pour moi des exemples de persévérance, de courage et de générosité*

*Qui m'ont toujours aidé et encouragé*

*(Souf), Et à tous ceux qui ont contribué de près ou de loin pour que ce projet soit possible.*

*Je vous dis Merci*

***Khadija***

## **Résumé:**

Le blé dur est une espèce céréalière stratégique occupant une place cruciale dans le système alimentaire et dans l'économie de nombreux pays dans le monde, principalement cultivé dans les pays du bassin méditerranéen à climat arides et semi-arides, où la pluviométrie et la température sont sujettes à de grandes variations intra et inter annuelles, qui affectent sérieusement les rendements. L'amélioration de la tolérance reste un objectif de sélection prioritaire dans ces zones.

Le présent travail consiste en une recherche bibliographique qui renforce les concepts de l'amélioration des plantes par l'étude de leurs réponses physiologiques et moléculaires sous stress hydrique. Les gènes impliqués dans la réponse à la contrainte abiotique, qu'ils soient induits ou réprimés, codent pour une large gamme de protéines assurant diverses fonctions qui aident la plante à tolérer et à s'adapter face aux variations de l'environnement. Une autre approche au service de la science et des chercheurs, l'approche *in silico*, qui permet d'analyser, traiter et comparer l'information biologique collectée *in vivo* et/ou *in vitro* à l'aide de l'outil informatique.

**Mots clé :** blé dur, stress hydrique, expression génique, recherche *in silico*.

## ملخص

يعتبر القمح الصلب نوعاً من الحبوب الإستراتيجية التي تحتل مكاناً هاماً في النظام الغذائي وفي اقتصاد العديد من البلدان في العالم ، يزرع بشكل أساسي في دول حوض البحر الأبيض المتوسط ذات المناخات الجافة وشبه الجافة ، حيث تخضع مستوى الهطول ودرجة الحرارة لتغيرات كبيرة داخل وبين السنوية ، والتي تؤثر على محمل الجد على العائد. و يبقى تحسين التسامح هدفا لاختيار الأولويات في هذه المناطق.

يتكون العمل الحالي من بحث ببيولوجيا يعزز المفاهيم الخاصة بتحسين النباتات من خلال دراسة التغيرات في عملياتها الأيضية والفيزيولوجية والمورفولوجية. إن الجينات المشاركة في الاستجابة للضغط اللاأحيائي ، سواء أكان مستحثاً أو مكبوتاً ، تشفر نطاقاً واسعاً من البروتينات التي تؤدي مجموعة متنوعة من الوظائف التي تساعد النبات على تحمل الظروف البيئية المتغيرة والتكيف معها. في السابق ، كان العلم يقوم على المواجهة بين النظرية والخبرة. الآن ، على النظرية الثلاثية ، الخبرة والمحاكاة العددية ، " هذا هو النهج *in silico* ، والذي يسمح لتحليل ومعالجة ومقارنة المعلومات البيولوجية التي تم جمعها في الجسم الحي و / أو في المختبر باستخدام أداة الكمبيوتر

**الكلمات المفتاحية :** القمح الصلب ، الإجهاد المائي، التعبير الجيني، البحث في السيليكا.

## **Abstract**

The durum wheat is a strategic cereal species occupying a crucial place in the food system and in the economy of numerous countries in the world, mainly cultivated in the countries of the Mediterranean Basin with dry and semi-arid climates, where the pluviometry and the temperature are subject to big variations intra and annual inter, which allocate seriously the yields. The improvement of the tolerance stays an objective of priority selection in these zones.

The present work consists of a bibliographical research which strengthens the concepts of the improvement of plants by the study of the change of their metabolic, physiological and morphological processes. The genes implied in the answer to the abiotique constraint, that they are led or repressed, code for a wide range of proteins assuring diverse functions which help the plant to tolerate and to adapt themselves in front of variations of the environment. Previously, the science was based on the confrontation between the theory and the experiment. Now, it is on the triptych theory, experiment and digital simulations, "it is the approach *in silico* that allows to analyze, to handle and to compare the biological information collected *in vivo* and/or *in vitro* using the IT tool.

**Key words:** Durum wheat, water stress, genetic expression, *in silico* research.

## Liste d'abréviations:

<b>FAO</b>	Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture
<b>ABA</b>	Acide Abscissique
<b>ROS</b>	Reactive Oxygen species
<b>SOD:</b>	Superoxyde dismutase
<b>LEA</b>	Late Embryogenesis Abundant
<b>HSP</b>	Heat Shock Proteins
<b>ADN</b>	Acide désoxyribonucléique
<b>PFAM:</b>	Protein Families, and Multiple sequence Alignments
<b>LEAPdb</b>	Late Embryogenesis Abundant Proteins Database
<b>TIC</b>	Technologies de l'Information et de Communication
<b>NCBI:</b>	nation center for biotechnology and information
<b>EBI:</b>	The European Bioinformatics Institute
<b>KEGG:</b>	Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes
<b>EXPASY:</b>	SIB Bioinformatics Resource Portal
<b>EMBL:</b>	The European Molecular Biology Laboratory
<b>DDBJ</b>	DNA Data Bank of Japan
<b>PIR</b>	The Protein Information Resource
<b>PDB</b>	protein data bank
<b>OMIM</b>	Online Mendelian Inheritance in Man
<b>VectorDB</b>	Vector DataBase
<b>PCR</b>	polymerase chain reaction

## Liste de figures:

N	Titre	Page
1	Origine et diffusion de <i>Triticum turgidum</i>	<b>3</b>
2	Origines possibles du blé d'après Auriou 1978	<b>5</b>
3	Descriptif de l'impact du changement climatique par IPCC	<b>7</b>
4	Principe de la PCR	<b>19</b>
5	Arbre phylogénétique enraciné regroupant la séquence de la protéine LEA et les séquences homologues appartenant à d'autres espèces. Arbre construit à l'aide de logiciel MEGA 6	<b>36</b>
6	Arbre phylogénétique non- enraciné regroupant la séquence de la protéine LEA et les séquences homologues appartenant à d'autres espèces. Arbre construit à l'aide de logiciel MEGA 6	<b>36</b>

## Liste de tableaux :

<b>N</b>	<b>Titre</b>	<b>Page</b>
<b>1</b>	Classification botanique du blé dur	<b>5</b>
<b>2</b>	Etude protéomique chez le blé et de l'orge en réponse à la sécheresse	<b>13</b>
<b>3</b>	Nomenclature et localisations intracellulaires des différentes protéines de stress	<b>16</b>
<b>4</b>	Les banques de données d'après	<b>24</b>
<b>5</b>	Les outils de la bioinformatique	<b>26</b>
<b>6</b>	Rechercher sur NCBI de la séquence d'intérêt LAE.	<b>28</b>
<b>7</b>	La Recherche d'homologie de la séquence d'intérêt avec les séquences de la base de données GANBANK par l'outil BLAST	<b>30</b>
<b>8</b>	Alignement multiple de la séquence d'intérêt et les séquences de la base de données NCBI sur le logiciel MEGA 6	<b>34</b>

## Sommaire :

Titre	Page
Remerciement	
Dédicace	
Résumé	
ملخص	
Abstract	
Liste d'abréviation	
Liste de figures	
Liste de tableaux	
<b>Introduction</b>	<b>1</b>
<b>Chapitre I : Le blé</b>	
I- généralités sur la céréale de blé	3
I-1 Origine géographique	3
I-2 Origine génétique	4
I-3 Classification botanique de blé dur	5
I-4 Importance et la production de blé	6
<b>Chapitre II : Effet du stress hydrique sur le blé dur et mécanismes d'adaptation</b>	
II-1 Les changements climatiques	7
II-2 Importance de l'eau dans la vie des plantes	8
II-3 Le stress hydrique	8
II-4 L'impact du déficit hydrique sur la culture de blé dur	8
II-5 Stratégie d'adaptation	9
II-5-1 L'esquive du stress ou l'échappement	10
II-5-2 L'évitement du stress	10
II-5-3 La tolérance du stress	10
II-6 Rôles des paramètres d'adaptation	11
II-6-1 Paramètres phénologiques	11

II-6-2 Paramètres morphologiques	11
II-6-3 Paramètres physiologiques	12
II-7 Mécanismes moléculaires impliqués dans la réponse au déficit hydrique	12
II-7-1- Gènes et leurs produits induits sous l'effet du stress hydriques	12
II-7-1-1 Les aquaporines	15
II-7-1-2 Les protéases	15
II-7-1-3 Les protéines HSP	16
II-7-1-4 Les protéines LEA	17
II-7-1-5 La détoxification	18
II-7-1-6 Les osmolytes	18
II-8 Analyse de l'expression des gènes et de l'accumulation des protéines	18
II-8-1 Techniques fondées sur l'hybridation	19
II-8-1-1 La PCR en temps réel	19
II-8-1-2 Les puces à ADN	20
II-8-2 Techniques fondées sur la migration électrophorétique	20
II-8-2-1 La protéomique	21
II-8-2-2 La transgénèse	21
II-8-2-3 Le séquençage	22
 <b>Chapitre III: Etude <i>in silico</i> des gènes de tolérances au stress hydrique chez le blé dur</b>	
III-1 La bioinformatique.	23
III-2 Objectif de la bio-informatique	23
III-3 Banques de données biologiques	23
III-4 L'outil de la bio-informatique	25
III-5 Recherche de gènes par GENBANK	27
<b>Conclusion</b>	<b>37</b>
<b>Références bibliographiques</b>	<b>38</b>
<b>Annexes</b>	<b>42</b>

# *Introduction*

Le blé est l'une des ressources alimentaires principales de l'humanité. La production mondiale, en progression constante, et les échanges qui se multiplient entre les régions du monde font de cette céréale l'une des principaux acteurs de l'économie mondiale et justifient les nombreux travaux qui lui sont consacrés (Lesage, 2011).

La sécheresse est l'une des principales causes naturelles de dégâts agricoles, économiques et environnementaux. Les sécheresses sont apparentes après une longue période sans précipitation, mais il est difficile de déterminer leur apparition, leur étendue et leur fin (Ameur, 2011)

Les plantes sont souvent soumises à des graves déficits hydriques dus à une chute brutale de l'humidité ou à une augmentation de la température, la rareté des pluies ou des pluviosités. Beaucoup d'espèces peuvent également induire un stress hydrique du fait de la diminution de la croissance ainsi qu'une réduction de l'activité photosynthétique, affectant ainsi le rendement et provoquant la mort de la plante si le stress perdure (May et Milthorpe, 1962).

De ce fait, la compréhension des mécanismes de tolérance à ces stress constitue un enjeu économique majeur.

La plupart des travaux effectués sur le blé dur dans le cadre de l'amélioration génétique de la tolérance au stress hydrique, se sont donnés pendant longtemps pour objectif primordial l'augmentation de la productivité, une approche basée sur les performances agronomiques. Actuellement, les programmes d'amélioration du blé s'intéressent de plus à l'amélioration génétique et moléculaire de la tolérance au stress hydrique. Cette amélioration exige d'étudier, d'identifier et de vérifier les caractères phénologiques, morpho-physiologiques et biochimiques liés au rendement en condition de stress hydrique (Pfeiffer et al., 2000)

Les gènes impliqués dans la réponse à la contrainte abiotique, qu'ils soient induits ou réprimés, codent pour une large gamme de protéines assurant diverses fonctions.

Des nouvelles méthodes qui suivent la modernisation sont utilisées dans le but d'améliorer les connaissances et la compréhension de la fonction et la structure des gènes induits en réponse au stress hydriques, la bio-informatique, une approche qui analyse et interprète des données biologiques, au moyen de méthodes informatiques.

Le présent travail consiste en une recherche bibliographique qui renforce et renouvelle les concepts de l'amélioration du blé dur, par l'étude des différents mécanismes d'adaptation des plantes à cette contrainte.

Ce mémoire est structuré en trois parties :

Le premier chapitre, traite l'origine et l'importance du blé dur en Algérie et dans le monde.

Le deuxième chapitre s'intéresse à l'effet du stress hydrique sur le blé dur et aux différents mécanismes d'adaptation à cette contrainte.

Le dernier chapitre est consacré à une étude *in silico* de quelques de gènes de résistance au stress hydrique chez le blé par interrogation de bases de données spécialisées.

# *Chapitre I*

## *Le blé*

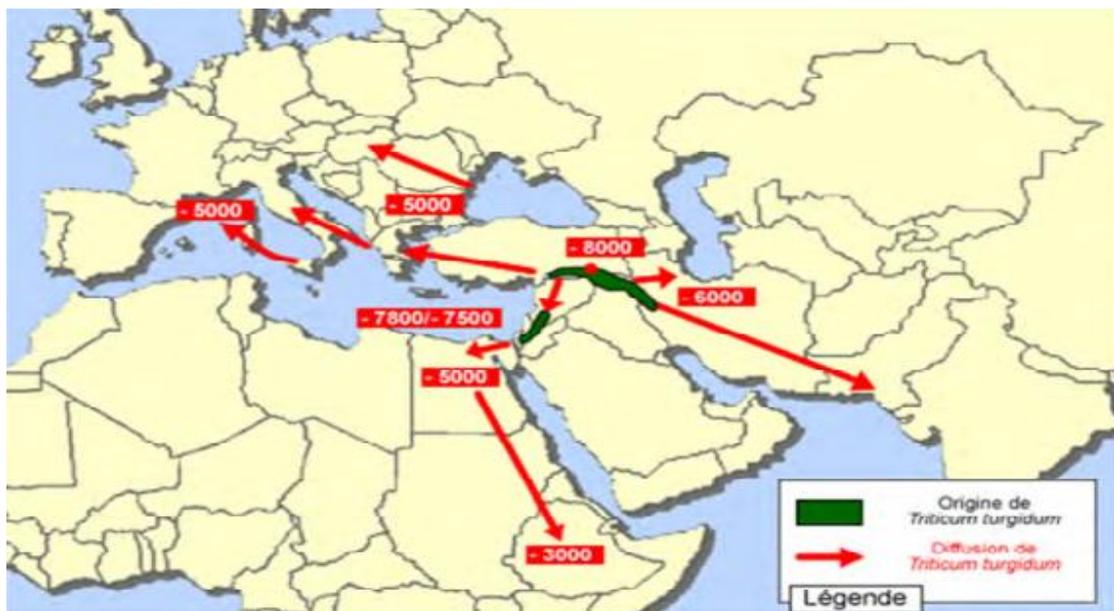
## I-Généralités sur la céréale de blé

### I-1 Origine géographique:

Le blé est parmi les premières espèces cueillies et cultivées par l'homme au proche Orient, il y a environ 10.000 à 15.000 ans avant J.C. La plupart des recherches archéologiques ont confirmé que les origines du blé se situent dans les zones du Croissant fertile (Boulal et al., 2007, Bonjean, 2001), plus précisément au sud de l'Anatolie et au nord de la Syrie. C'est à partir de cette zone que les blés ont été diffusés vers l'Afrique, l'Asie et l'Europe. La route la plus ancienne de diffusion des céréales vers les pays du Maghreb fut à partir de la péninsule italienne et de la Sicile.

Bonjean et Picard, (1990), affirment que le monde Romain a largement contribué à la diffusion des céréales du bassin méditerranéen vers l'Europe centrale et l'Europe de l'Ouest (Figure 01).

Le blé dur est représenté en Afrique du Nord par un très grand nombre de variétés et de sortes, qui ont fait considérer cette région comme un centre d'origine de l'espèce. Toutefois, cette opinion a été combattue par Vavilov, pour qui ce centre serait l'Abyssinie et l'Afrique du Nord est le centre secondaire de diversité de *T. durum*, surtout dans les parties montagneuses, où ces formes sont les plus variées et les plus nombreuses (Miège, 1950).



**Figure 01** : Origine et diffusion de *Triticum turgidum* (Bonjean, 2001)

## I-2 Origine génétique:

Les études génétiques ont montré que les espèces du genre *Triticum* pouvaient comporter un équipement chromosomique diploïde ( $n=7$ ), tétraploïdes ( $n=14$ ), et hexaploïdes ( $n=21$ ).

Groupes des diploïdes  $2n=14$ chrs (AA):

- *Triticum monococcum*

Groupe des tétraploïdes  $2n=28$ chrs (AABB):

- *Triticum durum*.
- *Triticum polonicum*.
- *Triticum persicum*.
- *Triticum dicoccoides*.

Groupes des hexaploïdes  $2n=42$ chrs (AABBDD).

- *Triticum spelta*
- *Triticum compactum*.
- *Triticum vulgare*.

L'origine génétique du blé revient à un premier croisement entre une espèce donneuse du premier génome AA ( $2n=14$ chrs) *T.monococcum* et une deuxième espèce fournissant le génome BB ( $2n=14$ chrs) *Aégilopes.sp*, actuellement non encore identifiée.

C'est ainsi que l'hybride interspécifique tétraploïde (*T. turgidum*) porteur des deux garnitures AA X BB ( $2n=28$ chrs) est apparu, d'une manière analogue, le blé hexaploïdes (*T.aestivum*) de formule A.B.D. ( $2n=42$ ), serait le résultat d'un croisement du *T. turgidum*, servant de pivot femelle avec un *aegilops squarrosa* de génome D, suivit d'un doublement du nombre des chromosomes. (Figure 02)

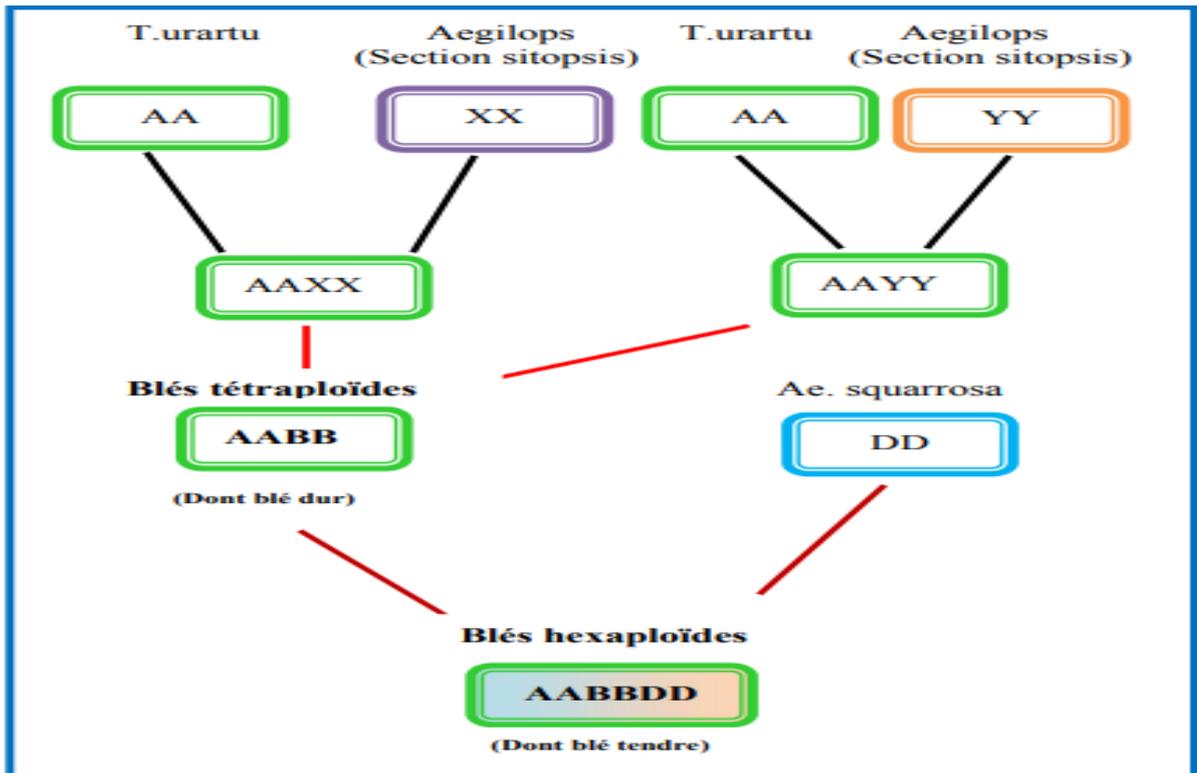


Figure 02: Origines possibles du blé d'après Auriou 1978 (in Gallais et Bannerot, 1992)

### I-3 Classification botanique du blé dur :

Le blé dur est une plante herbacée, monocotylédone appelé aussi céréale à paille appartient à la famille des Graminées, genre *Triticum*. Cette famille comprend 600 genres et plus de 5000 espèces. Une classification détaillée est donnée ci- dessous

Tableau 01: Classification botanique du blé dur (Feillet, 2000).

<b>Embranchement</b>	<b>Angiospermes</b>
<b>Sous embranchement</b>	Spermaphytes
<b>Classe</b>	Monocotylédones
<b>Ordre</b>	Glumiflorales
<b>Super ordre</b>	Comméliniflorales
<b>Famille</b>	Gramineae
<b>Tribu</b>	Triticeae
<b>Sous tribu</b>	Triticinae
<b>Genre</b>	Triticum
<b>Espèce</b>	<i>Triticum durum</i> Desf

#### **I-4 Importance et production de blé:**

Le blé est l'une des ressources alimentaires principales de l'humanité, la FAO prévoit qu'en 2018, la production mondiale de blé devrait s'établir à 754.1 millions de tonnes en juin 2018, soit 757.2 millions de tonnes de plus que ce qui avait été prévu en mai 2018. Toutefois, à ce niveau, la production mondiale serait encore en baisse de 3.1 millions de tonnes par rapport à l'année dernière.

La production nationale de blé devrait connaître une excellente hausse en 2018. Dans son rapport mensuel sur les produits agricoles dans le monde, le service agricole de l'étranger du ministère américain de l'Agriculture (USDA), a anticipé une production record de blé en Afrique du Nord-Ouest notamment pour l'Algérie, la Tunisie et le Maroc, pour la campagne 2018/2019, qui serait de l'ordre de 12,5 millions de tonnes métriques avec une hausse de 17% par rapport à 2017 et de 30% au-dessus de la moyenne quinquennale.

Pour l'Algérie, la production de blé pour la saison 2018/19 est estimée à 3,0 millions de tonnes en hausse de 0,6 million par rapport à 2017/18. Cette perspective favorable est due principalement aux précipitations abondantes au niveau des régions de l'Est, l'Ouest et le Centre du pays (Dani, 2018).

## *Chapitre II*

# *Effet du stress hydrique sur le blé dur et mécanismes d'adaptation*

## II-1 Les changements climatiques:

Les systèmes agricoles sont intimement liés au climat, comprendre ces liens constitue un défi pour les chercheurs. Une quantité considérable de travaux (Kaiser et al., 1993 ;Xiao et al., 2008 ;Tao et Zhang, 2011) ayant discuté les impacts potentiels du changement climatique sur l'agriculture en termes qualitatifs.

Ils sont d'une part affectés par la dérive de son état moyen et par sa variabilité et sont d'autres parts des contributeurs nets à la composition chimique de l'atmosphère et influencent le cycle énergétique du climat (Figure 03)

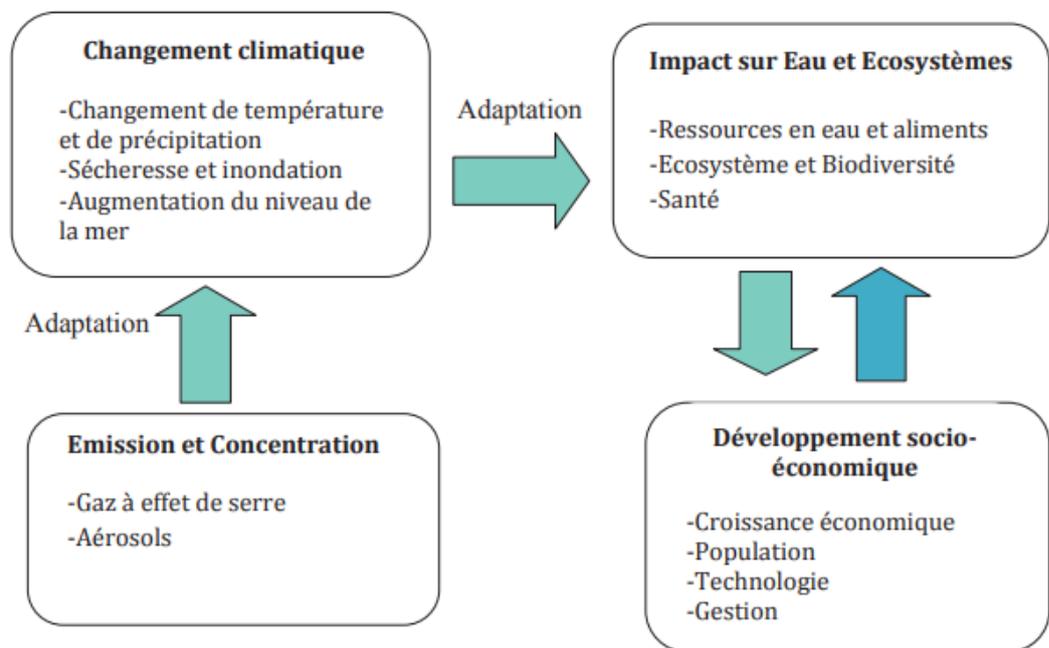


Figure 03: Descriptif de l'impact du changement climatique par IPCC .

L'Algérie fait partie de ce monde qui se réchauffe. A l'instar des autres pays, elle est également touchée par le changement climatique. Selon l'Institut international de développement durable (IISD), les données climatiques relevées dans le Maghreb durant le XXe siècle indiquent un réchauffement estimé à plus de 1°C avec une tendance accentuée au cours des 30 dernières années.

Cette évolution dans les conditions climatiques aura des répercussions directes sur le développement et la croissance des végétaux et en particulier sur la productivité des plantes cultivées.

## **II-2 Importance de l'eau dans la vie des plantes:**

L'eau est un facteur important pour la plante, non seulement comme constituant des cellules et des tissus mais ; elle assure:

- La dissolution des éléments minéraux du sol.
- La croissance et développement des plants.
- La photosynthèse.
- La turgescence cellulaire qui donne la rigidité aux tissus végétaux.
- Le maintien de la structure biochimique de la cellule et ses constituants.
- Le transport des éléments minéraux et des substances organiques.
- La régulation thermique pour dissiper la chaleur absorbée sous forme des radiations solaires.
- La source d'éléments essentiels et nécessaires pour le métabolisme en participant d'une manière directe à de nombreuses réactions biochimiques.

## **II-3 Le stress hydrique:**

Le déficit hydrique est une contrainte permanente de la production agricole dans de nombreux pays au climat de type méditerranéen. Elle est à l'origine des pertes de production agricole dans ses régions. Les risques du manque d'eau sont et deviendront de plus en plus fréquents et persistants, à l'avenir, par suite des changements climatiques causés par l'effet de serre (Witcombe et al., 2009).

Le stress hydrique souvent provoqué par la sécheresse, se manifeste quand la quantité d'eau transpirée est supérieure à la quantité d'eau absorbée. Donc manque d'eau et la rareté des précipitations sont les causes principales du stress hydrique,

Les stress provoqués par un déficit en eau constituent une menace permanente pour la survie des plantes et affectent leur croissance et développement de la plante.

## **II-4 L'impact du déficit hydrique sur le rendement de blé dur:**

Les végétaux sont caractérisés par une grande capacité à résister aux variations importantes de la teneur en eau de leurs tissus. Néanmoins lorsque l'alimentation en eau est interrompue, la plante a du mal à répondre à la demande climatique.

Selon le positionnement dans le cycle de développement et l'intensité de la contrainte hydrique, les stress hydriques influencent les rendements ainsi que la composition biochimique des graines. Un déficit hydrique après la fécondation réduit la taille des organes et si elle se poursuit pendant la phase de remplissage, elle affecte leur composition. Les différents métabolismes étant inégalement affectés par le déficit hydrique, les concentrations relatives des différents composés sont modifiées : un manque d'eau induit généralement une baisse des teneurs en amidon et en huile des graines, et une augmentation des teneurs en protéines (Hireche, 2006) .

Un déficit hydrique précoce affecte en parallèle la croissance des racines et des parties aériennes, le développement des feuilles et des organes reproducteurs (Debaeke et al., 1996). Au stage montaison le stress hydrique se traduit par la chute du nombre d'épis produits par mètre carré suite à la régression intense des talles et la baisse du nombre de grains par épi. Ceci se répercute sur le rendement économique de la culture, qui peut baisser de plus de 80% (Chenaffi et al., 2006).

Ainsi, le risque de stress hydrique est-il possible presque durant tout le cycle biologique de la céréale. Par ailleurs et pour bien se développer, la plante doit disposer de mécanismes d'adaptation qui lui permettent de supporter le stress hydrique.

### **II-5 Stratégie d'adaptation:**

Pour lutter contre le manque d'eau, les plantes développent plusieurs stratégies adaptatives qui varient en fonction de l'espèce et des conditions du milieu. La résistance d'une plante à une contrainte hydrique peut être définie, du point de vue physiologique, par sa capacité à survivre et à s'accroître et, du point de vue agronomique, par l'obtention d'un rendement plus élevé que celui des plantes sensibles. La résistance à la sécheresse est liée à la capacité d'une variété à développer un nombre élevé de mécanismes d'adaptation et non pas à la présence d'un mécanisme donné. Passioura, (2004) mentionne qu'elle est la résultante de nombreuses modifications phénologiques, morphologiques, physiologiques et biochimiques, reflétant différents types d'adaptation (esquive, évitement, et tolérance).

### **II-5-1 L'esquive du stress ou l'échappement**

L'esquive du stress, la plus rencontrée et utilisée en amélioration des plantes, est certainement la précocité et le raccourcissement de la durée de cycle, qui est d'un avantage certain dans les milieux où le stress est plus intense vers la fin du cycle de la culture.

Une durée de cycle plus longue où la tardiveté peut être, sous certaines conditions, un avantage, car elle permet l'esquive du stress qui apparaît tôt.

En absence de stress, les génotypes précoces font une moindre utilisation des disponibilités offertes par le milieu de production (Slafer et al., 2005).

### **II-5-2 L'évitement du stress:**

L'évitement est défini comme la capacité d'une plante à supporter une sécheresse en évitant une déshydratation des tissus. Donc le maintien du potentiel hydrique interne satisfait en présence de contrainte hydrique, ce mécanisme se fait selon deux réponses:

La première réponse est l'aptitude des racines à exploiter les réserves en eau du sol sous stress.

La seconde réponse est constituée par la réduction de surface foliaire, la régulation de l'ouverture et fermetures des stomates, la présence de cire à la surface des feuilles et l'enroulement foliaires.

### **II-5-3 La tolérance du stress:**

La tolérance du stress est défini comme la capacité de la plante à croître sous stress, Selon Boyer (1976), La translocation est le principal mécanisme qui est associé à la tolérance du stress. Selon Ehdaie et al. (2006) la translocation est mise en œuvre, par la plante, dès que l'activité photosynthétique est inhibée par le stress.

Ce mécanisme est rapporté dans plusieurs recherches, comme étant la principale source de remplissage du grain, sous stress sévère de fin de cycle.

## **II-6 Rôles des paramètres d'adaptation**

### **II-6-1 Paramètres phénologiques**

Les paramètres phénologiques d'adaptation, ou paramètre de précocité, constituent un important mécanisme d'esquive à la sécheresse de fin de cycle (Ben Naceur et al., 1999). La précocité au stade épiaison est une composante importante d'esquive des stress de fin de cycle chez le blé dur. Compte tenu de la distribution aléatoire des précipitations, l'adoption de variétés à cycle relativement court est nécessaire dans les régions arides à semi-arides (Mekhlouf et al., 2006).

Fischer et Maurer (1978) notent que chaque jour de précocité confère un gain en rendement de 30 à 85 kg/ha. En milieu où le gel tardif est une contrainte à la production des céréales, une précocité excessive n'est d'aucune utilité. Au contraire, elle risque d'être une source d'instabilité des rendements en grains. Une précocité modérée peut cependant constituer un avantage lors de la reprise de la croissance après un bref stress (Bouzerzour, 1998).

### **II-6-2 Paramètres morphologiques:**

L'effet de la sécheresse peut se traduire, selon la stratégie adaptative de chaque espèce ou variété, par des modifications morphologiques pour augmenter l'absorption d'eau et/ou pour diminuer la transpiration et la compétition entre les organes pour les assimilats. Ces modifications affectent la partie aérienne ou souterraine : réduction de la surface foliaire et du nombre de talles, enroulement des feuilles et/ou meilleur développement du système racinaire. Les travaux effectués par (Slama, 1996) ont montré que la variété ayant le système racinaire le plus développé en conditions de déficit hydrique (Khar) a donné le rendement le plus élevé.

En comparant trois variétés de blé dur, la variété ayant la barbe la plus développée sous contrainte hydrique (Razzak ) présente le meilleur rendement. En effet, les barbes peuvent améliorer le rendement en conditions de sécheresse par augmentation de la surface photosynthétique de l'épi.

## **II-6-2 Paramètres physiologique**

Le maintien d'une forte pression osmotique des fluides cellulaires, se réalise par le potassium en début de croissance et par les osmolytes dans l'autre phase de vie du végétal.

Les protéines de sécheresse, analogue au heat shock proteins (HSP) et des polyamines (putrescine, sp9+ermidine), participent également dans le processus d'adaptation.

L'acide abscissique qualifié «d'hormone de stress», est synthétisé rapidement et semble avoir un rôle important dans la réponse au stress, dans l'inhibition de la photosynthèse et le ralentissement de la croissance des feuilles (Malamy, 2005)

D'autres substances sont synthétisées par les plantes stressées, telle que la proline, qui peuvent maintenir les fonctions cellulaires par la protection de ses structures et par l'ajustement osmotique (Jubault et al., 2008; Less et Galili, 2008). Cette accumulation est un indice de résistance à la sécheresse (Mani et al., 2002).

## **II-7 Mécanismes moléculaires impliqués dans la réponse au déficit hydrique:**

La compréhension des réponses moléculaires des plantes au stress hydrique a impliqué le développement de nouveaux outils via la manipulation génétique par l'expression de plusieurs gènes induits par le stress. Un certain nombre de types différents de protéines sont susceptibles de fonctionner pour améliorer la tolérance au stress. Les gènes codant pour les enzymes de la biosynthèse osmotique permettent la synthèse de ces composés osmotiques en réponse au stress

### **II-7-1 Gènes et leurs produits induits sous l'effet du stress hydrique :**

Différentes études protéomiques menées sur la réponse aux stress abiotiques ont été effectuées chez le blé (Tableau 2). Ces études ont indiqué que le stress hydrique modifie l'abondance des protéines impliquées dans le métabolisme énergétique et glucidique, la détoxification cellulaire, la régulation de l'expression des gènes induits directement dans la réponse au stress, la régulation du signal de transduction et le renforcement de la paroi cellulaire (Kacem, 2017).

**Tableau 2.** Etude protéomique chez le blé et de l'orge en réponse à la sécheresse (Kosová et al. 2014 in Kacem 2017).

Sécheresse			
Matériel végétal	Traitement	Méthode	Majeures protéines différentiellement exprimées
<b>Blé dur</b> ( <i>Triticum dicoccoides</i> ) (Feuilles)	9 jours sans arrosage	2DE nano LC-ESI-MS/MS.	75 protéines identifiées 11 candidats pour la tolérance à la sécheresse. Différences génotypiques: Triose-Phosphate Isomérase, ATP synthase CF1. -Protéines abondantes chez les variétés sensibles : Méthionine Synthase - Protéines abondantes chez les variétés tolérantes : $\beta$ -1,3-glucanase, $\beta$ -1,4-glucanase, Xyloglucan Endo-Transglycosylase.
<b>Blé dur</b> ( <i>Triticum durum</i> ) (Feuilles)	7 jours sans arrosage	175mM Tris-HCl, pH 8.8, TCA-acetone; 2DE MALDI-TOF	36 protéines identifiées Protéines régulées à la hausse: Anhydrase carbonique, RubisCO LSU Protéines régulées à la baisse: RubisCO SSU, enzymes du cycle de Calvin (ALDO, PRK) ; ATP synthase CF1 $\alpha$
<b>Orge</b> ( <i>Hordeum vulgare</i> ) (Feuilles et racines)	7 jours sans arrosage	10mM PBS, TCA-acétone; 2D-DIGE MALDI-TOF	69 protéines identifiées (24/feuilles, 45/racines) Protéines régulées à la hausse: Protéine Myb-like, Protéine 14-3-3 Protéines régulées à la baisse: glutathion S-transférase,

			glutathion peroxydase.
Stress osmotique PEG 6000			
<b>Blé tendre</b> <i>(Triticum aestivum)</i> <b>(Feuilles)</b>	Solution de Hoagland 15% de PEG-6000 pendant 3 jours; Prétraitement 0.5mM d'acide salicylique (3days)	TCA/acetone; 2DE MALDI-TOF/TOF	82 protéines (76 protéines identifiées), dont 35 protéines sensibles à l'acide salicylique -Protéines régulées à la hausse: Protéine 14-3-3, Ascorbate-peroxydases, Glutathion S-Transférase, <i>Protéine disulfure isomérase</i> ; ATP synthase CF1 $\alpha$ , $\beta$
<b>Blé tendre</b> <i>(Triticum aestivum)</i> <b>(Feuilles)</b>	PEG-6000 (-1MPa) pendant 72 h	TCA/acetone; 2DE MALDI-TOF/TOF	35 protéines identifiées Protéines régulées à la hausse: GAPDH B; 26S protéasome, V-ATPase Protéines régulées à la baisse: RubisCO LSU et SSU, GAPDH, <i>triose-phosphate isomérase</i> , ADP-glucose pyrophosphorylase (AGPase)
<b>Blé tendre</b> <i>(Triticum aestivum)</i> <b>(grains – feuilles)</b>	Solution de Hoagland, 20% PEG-6000 (-0.75MPa) pendant 48h	TCA/acetone/ phenol, LC-MS/MS	173 (T : génotype tolérant) et 251 (génotype moins tolérant que T) Phosphoprotéines identifiées: SnRK2 kinase, protéine phosphatase 2C, <i>Protéine kinase Ca<sup>++</sup>-calmoduline dépendante</i> -Protéines de transport : Aquaporines, H <sup>+</sup> -ATPase. -Protéines LEA: WCOR719, WCOR825, WRAB17.

Schulze et al. (2005), rapportent qu'une partie des protéines induites ont une fonction directe dans l'augmentation de la tolérance au stress (protéines fonctionnelles), d'autres à la production de protéines fonctionnelles.

La plupart des protéines à fonction directe impliquées dans l'assimilation et le transport de l'eau et des ions, telles que les aquaporines. Et des protéines impliquées dans la protection des membranes et des protéines, telles que les protéines de choc thermique « heat shock proteins» HSP, et les protéines LEA « late embryogenesis abundant ». (Wang et al., 2003)

Parmi ces protéines fonctionnelles figurent aussi les enzymes de détoxification qui protègent les cellules des effets négatifs des ROS induites par le stress hydrique.

#### **II-7-1-1 Les aquaporines:**

Les aquaporines sont des protéines membranaires intégrales qui servent de canaux pour le transport d'eau et de petits solutés, tels que le glycérol, à travers la membrane, Elles ont donc un rôle essentiel dans les mécanismes d'absorption et d'excrétion de l'eau ainsi que dans l'homéostasie cellulaire (Verkman, 2005)

Elles font partie de la famille des MIP (« major intrinsic protein ») et sont divisées en deux groupes : les protéines TIP (« tonoplast intrinsic proteins ») sont situées dans la membrane vacuolaire, alors que les protéines PIP (« plasma membrane intrinsic proteins ») sont situées dans la membrane plasmique.

Chez *A. thaliana*, il existerait au moins 35 aquaporines, sont induites par différents types de déficit hydrique, alors que d'autres sont réprimées par le déficit hydrique. Cette régulation permet de jouer sur les flux d'eau et du même coup l'ajustement osmotique (Bartels and Sunkar, 2005 ; Alexandersson et al., 2005)

#### **II-7-1-2 Les protéases:**

Les protéases correspondent à des enzymes qui catalysent les coupures des liaisons peptidiques entraînant ainsi une dégradation des protéines. Une augmentation de la protéolyse lors d'un déficit hydrique permet d'éliminer les protéines endommagées par le déficit en eau et les ROS (Bartels and Sunkar, 2005).

### II-7-1-3 Les protéines HSP:

Pendant les stress, de nombreuses protéines subissent des modifications structurales et des changements fonctionnels. Il est par conséquent très important, pour la survie de la cellule soumise à un stress, de maintenir ces protéines dans une conformation fonctionnelle, d'éviter l'agrégation de protéines dénaturées et d'éliminer les polypeptides non fonctionnels et potentiellement dangereux. Les protéines HSP pour 'heat shock proteins' sont une classe de protéines chaperonnes initialement découvertes en raison de leur induction par la chaleur chez la drosophile.

Ces protéines, ont été classées en trois grandes familles définies selon leur poids moléculaire. Chaque classe étant composée de plusieurs protéines de poids moléculaires différents. Elles sont le plus souvent localisées dans le cytoplasme et le noyau de la cellule (tableau 03). Leur rôle crucial est la protection, le maintien et la régulation de la conformation des protéines, de leur assemblage, de leur localisation et de leur dégradation dans de nombreux processus cellulaire. Elles sont également impliquées dans la stabilisation des protéines et des membranes. Elles permettent ainsi une protection des plantes lors de stress par un rétablissement de la conformation initiale des protéines et de l'homéostasie cellulaire (Wang et al., 2004).

**Tableau 03:** Nomenclature et localisations intracellulaires des différentes protéines de stress (Kiang et Tsokos, 1998).

HSP	Localisation intracellulaire
HSP 110	Cytosol/noyau
HSP 90	Cytosol/noyau
HSP 73	Cytosol/noyau
HSP 72	Cytosol/noyau
GRP 75	Mitochondrie/chloroplaste
HSP 60	Mitochondrie/chloroplaste
HSP 20 (27)	Cytosol/noyau
HSP 10	Mitochondrie/chloroplaste
Ubiquitine	Cytosol/noyau

#### II-7-1-4 Les protéines LEA:

Les protéines LEA ont été initialement découvertes en raison de leur accumulation tardive (phase de maturation) au cours de l'embryogénèse des graines de coton (Dure and Galau, 1981). Elles ont par la suite été découvertes dans les graines de blé et d'autres espèces, ainsi que dans les tissus végétatifs, en particulier en réponse à des stress abiotiques, tels que la sécheresse.

Les protéines LEA forment une famille réparties en 12 classes qui correspondent à 8 PFAM (La base de données Pfam est une vaste collection de familles de protéines, chacune représentée par des alignements de séquences multiples et des modèles de Markov cachés).

Ces classes se distinguent par l'utilisation des acides aminés et les propriétés physico-chimiques très différentes des protéines qui en découlent. Omniprésentes chez les plantes, ces protéines sont également présentes chez d'autres organismes, tels que les bactéries et les animaux.

Peu d'informations sont disponibles à ce jour sur la fonction des protéines LEA. Plusieurs hypothèses ont été avancées (Goyal et al., 2005, Grelet et al., 2005) :

- En raison de leur absence de structure secondaire et de leur nature hydrophile, les protéines LEA auraient une fonction protectrice car elles diminueraient l'agrégation de polypeptides partiellement dénaturés produits en condition de stress.
- Etant hydrophiles, les protéines LEA sont également capables de fixer des molécules d'eau et pourraient donc avoir un rôle de tampon d'hydratation en ralentissant la perte en eau.
- Les protéines LEA pourraient aussi assurer une stabilisation stérique dans la mesure où elles peuvent se positionner à différents endroits de la cellule et s'associer aux membranes. Elles agiraient alors comme un tampon mécanique, évitant une diminution trop importante de la taille des cellules par une stabilisation membranaire.

- Les protéines LEA pourraient enfin avoir un rôle de séquestration des ions dans la mesure où elles sont riches en acides aminés chargés. Elles éviteraient ainsi des dommages cellulaires induits par l'augmentation de la concentration ionique en cas de stress hydrique.

#### **II-7-1-5 La détoxification:**

Les ROS sont fortement induites en réponse aux stress et possèdent des effets délétères sur les structures biologiques, comme l'oxydation de l'ADN, des protéines et des lipides membranaires (Xiong et al., 2002). Divers mécanismes ont été développés pour éliminer les ROS. L'élimination est principalement réalisée par des composés antioxydants, tels que les caroténoïdes, et l'acide ascorbique, et par des enzymes permettant une élimination des ROS, tels que la catalase et la SOD. La SOD, qui catalyse la conversion des anions superoxyde en peroxyde d'oxygène et en eau, est induite par l'ABA et la sécheresse.

#### **II-7-1-6 Les osmolytes:**

Pour limiter la perte en eau, les plantes sont capables de maintenir la turgescence de leurs cellules grâce à l'accumulation contrôlée de composés organiques appelés osmoprotectants. Les osmoprotectants ou osmolytes sont des composés solubles, non chargés à pH neutre et compatibles, même à forte concentration avec les fonctions métaboliques. Ils permettent également une stabilisation des protéines et des membranes cellulaires contre l'effet de dénaturation engendré par le stress sur des fonctions cellulaires. Il peut s'agir d'acides aminés, tels que la proline, la glycine bêtaïne, de sucres, tels que le saccharose. (Zhang et al., 1999 ; Abebe et al., 2003 ; Valliyodan and Nguyen, 2006).

#### **II-8 Analyse de l'expression des gènes et de l'accumulation des protéines:**

Lorsque les plantes sont soumises à un stress, notamment le stress hydrique, des modifications ont été observées à différents niveaux. Pour cela, des techniques expérimentales ont été mises en place depuis de nombreuses années pour comprendre les mécanismes cellulaires qui sont à la base de ces modifications. Cette analyse du transcriptome et du protéome permettent aussi de mettre en évidence des gènes ou des protéines « candidats », dont la variation d'expression pourrait être la cause des variations phénotypiques entre les géotypes analysés (Jeanneau et al., 2002).

L'objectif des expériences dites de transcriptome est principalement de mesurer l'abondance des acides ribo-nucléiques messagers (ARNm) pour un grand nombre de gènes de manière simultanée (Michaut , 2008) ou par analyse de l'expression des protéines dite de protéome correspondant à ces ARN messagers (protéome) dans des condition non standards pour l'étude de réponses des plantes au stress abiotiques (Mortuaire, 2004)

## II-8- 1 Techniques fondées sur l'hybridation:

### II-8- 1-1 La PCR en temps réel:

La PCR en temps réel (real-time PCR ou QPCR pour quantitative PCR) a connu un essor considérable au cours de ces dernières années, sans doute en partie en raison de sa simplicité de mise en œuvre et de la publicité importante qui a été faite sur sa précision et sa sensibilité (Pascal et Martin, 2007)

Elle est considérée par de nombreux chercheurs comme la technique de référence de mesure de l'expression des gènes. S'il est vrai que c'est, de loin, la technique à bas débit la plus rapide à réaliser et que sa sensibilité est également la meilleure, La PCR en temps réel est basée sur le principe de la PCR (Figure 04).

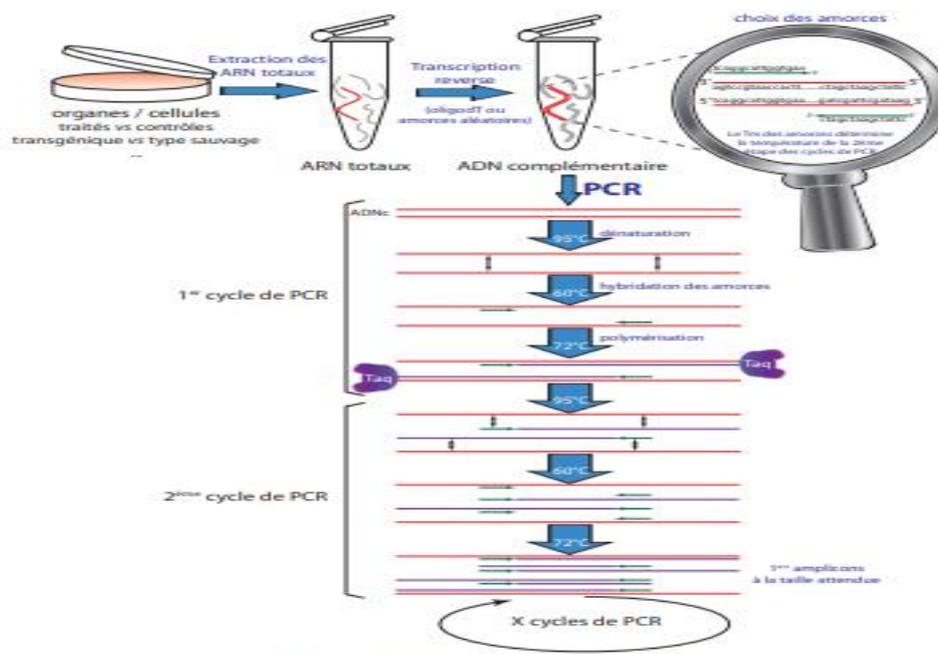


Figure 04: principe générale de la PCR.

Ses performances peuvent se résumer en quatre mots : spécificité, sensibilité, bonne reproductibilité et linéarité sur une gamme dynamique comprise entre 10 et 10<sup>8</sup> copies. Les applications sont très vastes et ne se limitent pas qu'à la quantification des acides nucléiques. La détection de mutations ponctuelles et de polymorphismes ainsi que la recherche de délétions géniques à l'état hétérozygote sont les autres grandes applications de la PCR en temps réel (Tse et Capeau, 2003).

### **II-8- 1-2 Les puces à ADN:**

Les premières puces à ADN sont apparues en 1993, mais leur concept date de 1987. La puce ADN est une méthode révolutionnaire pour identifier et doser les constituants d'un mélange complexe d'ADN ou d'ARN grâce à l'hybridation en parallèle sur une centaine de milliers de microsursaces greffées avec des sondes.

Le développement industriel des puces ADN repose sur la combinaison des techniques de la microélectronique, de la chimie, de la biologie moléculaire et de l'informatique. Leurs applications concernent tous les domaines de la génétique médicale, du séquençage des génomes, à la recherche de mutations responsables de maladies génétiques et au développement de nouveaux médicaments (Bellis et Casellas, 1997)

Lorsqu'un échantillon inconnu est introduit, il se lie aux séquences complémentaires, il suffit alors de repérer –par fluorescence, radioactivité ou par une autre interaction- dans quelles cases l'union a lieu pour connaître quels gènes sont exprimés dans les cellules étudiées (Berber, 2002)

### **II-8-2 Techniques fondées sur la migration électrophorétique:**

#### **II-8- 2-1- La protéomique:**

Le but de la protéomique est de fournir une image de l'ensemble des protéines exprimées pour une cellule, un tissu ou un organisme donné (Payne et Garrels, 1997 ; Florens et al., 2002).

Elle permet d'obtenir une vision globale des protéines exprimées par un type cellulaire pour des conditions données. Mais elle peut aussi être appliquée, non pas à une cellule entière, mais à un compartiment cellulaire, ce qui constitue un sous-protéome c'est-à-dire l'ensemble des protéines contenues dans une fraction cellulaire (membrane, noyau, organelles, cytosol). Tout compartiment de la cellule pouvant être purifié, sans être altéré, peut être l'objet de ce type d'étude. En plus de fournir une image des protéines présentes dans un organite donné, ces études apportent une information sur la localisation

des protéines identifiées, ce qui constitue une approche intéressante pour permettre l'attribution de fonction à des protéines hypothétiques.

Les résultats fournis par la protéomique permettent d'avoir, dans un contexte de post-génomique, un retour critique sur l'annotation des génomes séquencés. Ils permettent de valider l'existence d'un gène prédit et d'identifier des séquences codantes non prédites par l'annotation des génomes (Oshiro et al., 2002). Ils permettent aussi de résoudre certains problèmes de prédiction bioinformatique tels que le choix des limites des séquences codantes), ainsi que la prédiction d'éventuels séquences introniques.

### **II-8-2-2 La transgénèse:**

La transgénèse correspond à l'obtention d'organismes génétiquement modifiés (OGM), c'est-à-dire qu'elle consiste à transférer vers une plante un gène dont la fonction ou les données d'expression font supposer qu'il est favorable pour le caractère étudié. L'origine biologique des gènes utilisés peut être diverse. Les avancées biotechnologiques réalisées ces dernières années permettent maintenant d'introduire plusieurs gènes à la fois. Ceci est important à noter dans le contexte de l'amélioration de la tolérance à la sécheresse puisque ce processus complexe repose sur des réponses impliquant de nombreux gènes (Virilouvet, 2011)

La transgénèse est un moyen essentiel pour étudier le rôle des gènes dans l'expression des fonctions biologiques ainsi que leur fonctionnement. Elle permet également d'envisager des applications biotechnologiques diverses. Bien que vieille de vingt ans chez les animaux et de dix-sept ans chez les végétaux, elle souffre encore de limites techniques qui sont progressivement repoussées (Houdebine, 2000).

L'expression des transgènes est souvent mal contrôlée. C'est surtout le cas lorsque des gènes étrangers sont ajoutés dans des sites quelconques des génomes. L'expression est considérée comme satisfaisante lorsque le transgène est exprimé dans toutes les lignées, d'une manière qui respecte la spécificité du promoteur utilisé et, dans l'idéal, en fonction du nombre de copies intégrées (Houdebine, 2000).

Chez le blé, pour la protection contre les effets des toxines de *Fusarium graminearum*, un gène issu d'un autre *Fusarium* (sporotrichoides) a été introduit, non pas pour entraîner la résistance au champignon, mais pour inactiver la toxine dès sa synthèse (Okubara et al., 2002).

D'autres travaux pour protéger le blé contre la carie, ont consisté à introduire chez le blé un gène (KP4) d'un virus codant pour une protéine antifongique, dite protéine tueuse (Clausen et al., 2000).

### **II-8-2-3 Le séquençage:**

Le séquençage de l'ADN, consiste à déterminer l'ordre d'enchaînement des nucléotides d'un fragment d'ADN donné. Nous développerons dans ce dossier les différentes méthodes les plus souvent utilisées, les multiples usages et les réglementations en vigueur.

Les premières techniques de séquençage ont été développées en parallèle au milieu des années 1970. Les méthodes de Sanger (Grande-Bretagne) et Gilbert (Etats-Unis) ont toutes deux été récompensées d'un prix Nobel de chimie en 1980.

L'accélération récente des programmes de séquençage des génomes végétaux permet maintenant l'essor de la génomique, dont les buts sont de faciliter l'isolement de gènes d'intérêt chez les différentes espèces et de comprendre les processus d'évolution et de domestication des génomes (Delseny, 2009). Grâce au séquençage, il est possible d'étiqueter les régions du génome des plantes leur conférant les caractères agronomiques souhaités. La première espèce végétale dont le génome a été entièrement séquencé, en 2000, est l'Arabette des dames (*Arabidopsis thaliana*). Le riz l'a rejointe en 2005, puis le peuplier, la tomate, le maïs (2009), la pomme de terre, et enfin la vigne. Le génome du blé n'a pas encore été complètement séquencé (Gaufichon et al., 2010).

Le Consortium international de séquençage du génome du blé (« International Wheat Genome Sequencing Consortium » – IWGSC) a publié ébauche de la séquence du génome du blé tendre dans le journal scientifique international Science. L'ébauche, chromosome par chromosome, apporte un nouvel éclairage sur la structure, l'organisation et l'évolution de ce génome complexe et de grande taille qui est celui de la céréale la plus cultivée au monde (Mayer et al., 2014).

## *Chapitre III:*

# *Etude in silico des gènes de tolérances au stress hydrique chez le blé dur*

### **III-1 La bioinformatique:**

Interdisciplinaire par nature, la bioinformatique est fondée sur les acquis de la biologie, des mathématiques et de l'informatique. En cela, elle constitue une branche nouvelle de la biologie : c'est l'approche *in silico*, qui vient compléter les approches classiques *in situ* (dans le milieu naturel), *in vivo* (dans l'organisme vivant) et *in vitro* (en éprouvette) de la biologie traditionnelle.

La bioinformatique s'est définitivement imposée avec les programmes d'analyse de génomes. Cette discipline reprend tous les thèmes de l'informatique : l'acquisition, l'organisation de l'information, l'analyse, la visualisation, la modélisation, ... pour les appliquer à la génomique (Gallezot, 2002).

### **III-2 Objectif de la bioinformatique:**

Globalement, la bioinformatique propose des méthodes et des logiciels qui permettent:

- Le recueil, le stockage et la gestion des données biologiques et leur distribution à travers les réseaux.
- Les études phylogénétiques et l'évolution moléculaire des êtres vivants.
- Le développement des outils pour analyser les problèmes de biologie moléculaire.
- L'analyse, la comparaison et la prédiction de la structure des gènes.
- La modélisation et la prédiction de la fonction des protéines.
- Traitement des séquences: par le développement des algorithmes pour comparer des séquences entre elles (alignement 2 à 2 ou alignement multiple), la prédiction de la structure 3D des protéines ou leurs caractéristiques biochimiques, et les similarités entre séquences.

### **III-3 Banques de données biologiques :**

Il s'agit de bases de données contenant des informations biologiques et des données de séquences largement diffusées par le réseau internet. Elles sont généralement reliées entre elles par des liens, links, ou de cross références (Tableau 04) (Coutouly et al., 2012).

**Tableau 04:** Les banques de données biologiques (Coutouly et al., 2012)

Nom (mise à jour mars 2012)	Commentaires	Adresse Internet
<b>Portails</b>		
NCBI	Portail américain de bioinformatique, points forts: banques de séquences nucléotidiques, BLAST, banques génomiques, PubMed	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov">http://www.ncbi.nlm.nih.gov</a>
EBI	Portail européen de bioinformatique. Points forts: banques de séquences nucléotidique, FASTA, ClustalW	<a href="http://www.ebi.ac.uk">http://www.ebi.ac.uk</a>
KEGG	Portail japonais de bioinformatique. Points forts: voies métaboliques, banques de biomolécules.	<a href="http://www.genome.ad.jp/kegg">http://www.genome.ad.jp/kegg</a>
EXPASY	Portail e l'institut suisse de bioinformatique. Points forts: protéines, enzymes, structure 3D	<a href="http://www.expasy.ch">http://www.expasy.ch</a>
Bioweb Pasteur	Portail de bioinformatique de l'institut Pasteur, points forts: logiciel de bioinformatique en ligne	<a href="http://bioweb.pasteur.fr">http://bioweb.pasteur.fr</a>
<b>Acides nucléiques</b>		
Genbank	Banques de séquences nucléotidiques dotées de système d'interrogation. Elles échangent régulièrement leurs informations	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez</a>
EMBL		<a href="http://pir.ebi.ac.uk">http://pir.ebi.ac.uk</a>
DDBJ		<a href="http://www.ddjb.nig.ac.jp">http://www.ddjb.nig.ac.jp</a>
<b>Protéines</b>		
Swiss_prot	Séquences bien annotées et faiblement redondantes	<a href="http://ca.expasy.org/sprot">http://ca.expasy.org/sprot</a>
PIR	séquences et outils d'analyses	<a href="http://pir.georgetown.edu">http://pir.georgetown.edu</a>
TrEMBL	Séquences déduites à partir de séquences codantes des banques nucléotidiques EMBL/GenBank/DDBJ	<a href="http://ebi.ac.uk/trembl">http://ebi.ac.uk/trembl</a>
Uniprot	Consortium regroupant Swiss-Prot-TrEMBL-PIR	<a href="http://www.ebi.uniprot.org">http://www.ebi.uniprot.org</a>
PDB	Structure 3D des protéines au format PDB	<a href="http://www.rcsb.org">http://www.rcsb.org</a>

Banques de données spécialisées		
Mapviewer	Génome complets, localisation des gènes	<a href="http://www.ncbi.nih.gov/mapview">http://www.ncbi.nih.gov/mapview</a>
OMIN	Informations sur les maladies génétiques chez l'homme	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/omin">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/omin</a>
Orphanet	Base de données sur les maladies rares	<a href="http://www.prpha.net/consor/cgi-bin/index.php">http://www.prpha.net/consor/cgi-bin/index.php</a>
VectorDB	Base de données de vecteurs utilisés en biologie	<a href="http://genome-www.stanford.edu/vectordb">http://genome-www.stanford.edu/vectordb</a>
Bibliographie		
PubMed-Medline	Articles, publication en biologie et en médecine	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov">http://www.ncbi.nlm.nih.gov</a>
Refdoc	Service du CNRS, articles, thèses...	<a href="http://refdoc.fr/http://www.refdoc.fr/">http://refdoc.fr/http://www.refdoc.fr/</a>
Google scholar	Publications scientifique avec Google	<a href="http://scholar.google.com">http://scholar.google.com</a>

#### III-4 L'outil de la bio-informatique:

Le traitement bio-informatique des séquences biologiques peut être:

- Simple: composition, calcul de Tm, traduction;
- Complexe: alignement, recherche d'amorces, prédiction de structures secondaires et tertiaires, et construction d'arbre phylogénétique (tableau 05).

**Tableau 05** : les outils de la bioinformatique (Coutouly et al., 2012)

Outil (mise à jour 2012)	Commentaire	Adresse internet
<b>Séquences nucléotidique</b>		
Readseq	Conversion des formats de séquences (Fasta, Embl...)	<a href="http://www.ebi.ac.uk/cgi-bin/readseq.cgi">http://www.ebi.ac.uk/cgi-bin/readseq.cgi</a>
TACG	Etablissement de la carte de restriction d'une séquence avec choix des enzymes	<a href="http://moo.nac.uci.edu/tacg4/form4.html">http://moo.nac.uci.edu/tacg4/form4.html</a>
ORFfinder	Recherche des ORF	<a href="http://ncbi.nlm.nih.gov/gorf">http://ncbi.nlm.nih.gov/gorf</a>
Transeq	Traduction dans les 6 phases de lecture	<a href="http://ebi.ac.uk/emboss/transeq">http://ebi.ac.uk/emboss/transeq</a>
vecScreen	Détection des fragments de vecteurs de clonage	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/vecScreen">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/vecScreen</a>
Genmark	Prédiction de gènes eucaryotes et procaryotes	<a href="http://www.opal.biology.gatech.edu/GenMark">http://www.opal.biology.gatech.edu/GenMark</a>
Outil our ARN	Outils de prédiction de structures des ARN	<a href="http://bioweb.pasteur.fr/seqanal/rna">http://bioweb.pasteur.fr/seqanal/rna</a>
<b>Outils pour la PCR</b>		
OligoCalc	Détermination de Tm par différents méthodes	<a href="http://www.basic.northwestern.edu/biotools/oligo_calc.html">http://www.basic.northwestern.edu/biotools/oligo_calc.html</a>
Primer3	Recherche d'amorces pour PCR	<a href="http://www.biotools.umassmed.edu">http://www.biotools.umassmed.edu</a>
FastPCR		<a href="http://www.primerdigital.com/fastpcr.html">http://www.primerdigital.com/fastpcr.html</a>
<b>Séquences d'acides aminés</b>		
ProtParam	Détermination de paramètres physiologiques	<a href="http://www.expasy.org/tools/protoparam.html">http://www.expasy.org/tools/protoparam.html</a>
Psipred	Prédiction des hélices alpha, feuille beta	<a href="http://www.expasy.org/tools/#secondary">http://www.expasy.org/tools/#secondary</a>
SignalIP	Recherche de peptide signal	<a href="http://www.cbs.dtu.dk/service/SignalIp">http://www.cbs.dtu.dk/service/SignalIp</a>
TMpred	Prédiction de fragments transmembranaires	<a href="http://www.ch.embnet.org/software/TMPRED_form.html">http://www.ch.embnet.org/software/TMPRED_form.html</a>
Prosite	Banque de motifs	<a href="http://www.expasy.ch/prosite">http://www.expasy.ch/prosite</a>

<b>SWISS-MODEL</b>	Modélisation 3D	<a href="http://swissmodel.expasy.org">http://swissmodel.expasy.org</a>
<b>Alignement de séquences</b>		
<b>Needle</b>	Alignement global (algorithme de needlman)	<a href="http://www.ebi.ac.uk.emboss.align">http://www.ebi.ac.uk.emboss.align</a>
<b>Fasta</b>	Alignement local	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST</a>
<b>BLAST</b>	Alignement local	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST</a>
<b>T-coffee</b>	Alignement multiple	<a href="http://www.igs.cnrs.mrs.fr/Tcoffee">http://www.igs.cnrs.mrs.fr/Tcoffee</a>
<b>Multalin</b>		<a href="http://multalin.toulouse.inra.fr/multalin">http://multalin.toulouse.inra.fr/multalin</a>
<b>Clustalw</b>	Alignement multiple et analyse phylogénétique	<a href="http://www.ebi.ac.uk/clustalw">http://www.ebi.ac.uk/clustalw</a>

### III-5 Recherche de protéine par GENBANK :

La recherche de gènes permet d'améliorer les connaissances sur les fonctions et les voies impliquées dans la réponse de la plante au stress hydrique (Chaumeil, 2006). Les séquences nucléotidiques correspondant aux gènes d'intérêt préalablement isolés de l'espèce du blé, ont été identifiées via GENBANK, la banque de données, qu'elle permet la recherche de séquences génétiques codant pour les protéines induites au cours d'un stress hydrique. Nous avons choisi un exemple d'application pour la protéine LEA (Tableau 06)

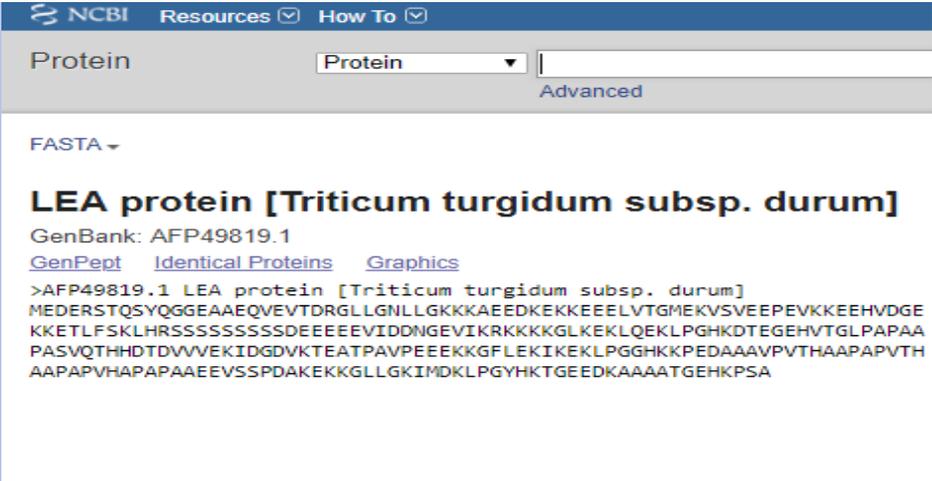
**Tableau 06** : Rechercher sur NCBI de la séquence d'intérêt LAE. (1, 2, 3, 4)

**1- A l'aide du moteur de recherche intégré, rechercher la séquence de protéine souhaitée. Sélectionner la catégorie Protéine dans le bandeau de recherche.**

**2- Identifier sur NCBI la séquence d'intérêt: Trier les résultats par espèce et sélectionner la séquence recherchée. (ici le gène de LEA, triticum)**

**3- Sélectionner la protéine**

**4- Faire apparaître la séquence d'intérêt:**  
Utiliser le lien FASTA pour faire apparaître la séquence de la protéine

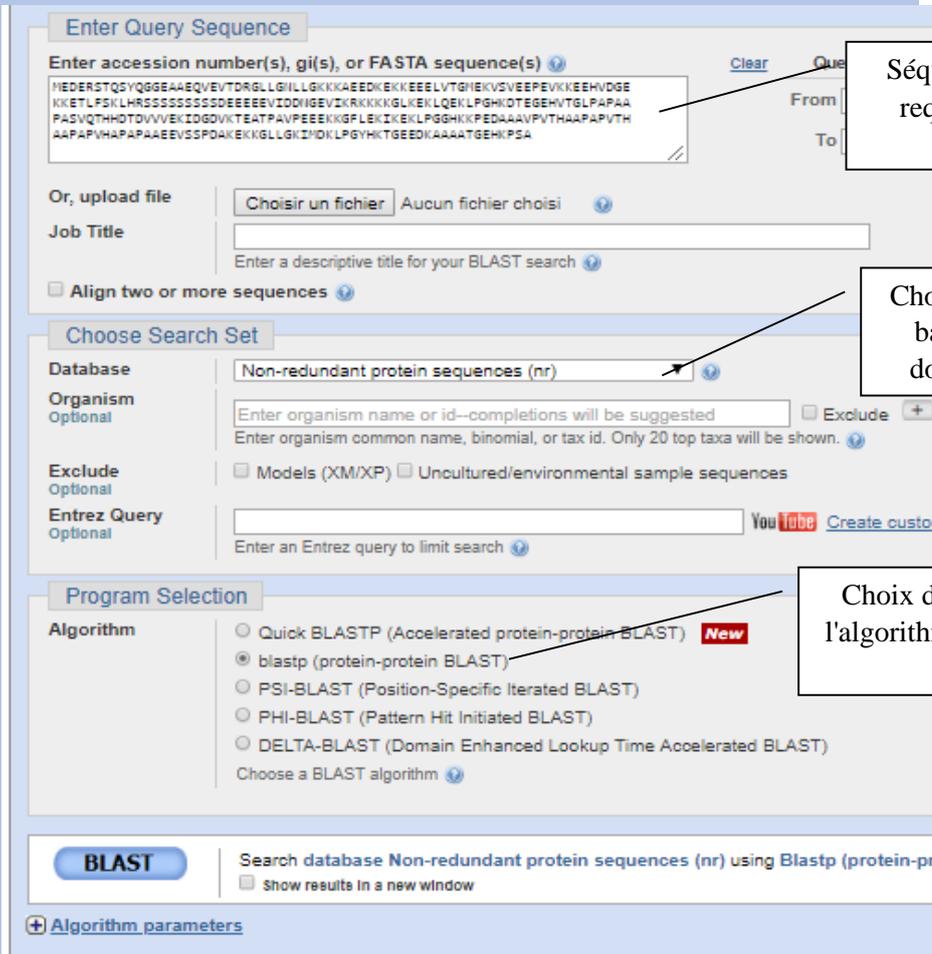


The screenshot shows the NCBI protein page for LEA protein [Triticum turgidum subsp. durum]. The FASTA sequence is displayed as follows:

```
>AFP49819.1 LEA protein [Triticum turgidum subsp. durum]
MEDERSTQSYQGGEAAEQVEVTDRLGLLGLLGGKKAEEEDKKEKEEELVTGMEKVSVEEPEVKKEEHVDGE
KKETLFSKLRSSSSSSSSSSDEEEVEIDDNGEVIKRRKKKGLKLEKLQEKLPGHKDTGEHVTGLPAPAA
PASVQTHDQDVVVEKIDGVKTEATPAVPEEEKKGFLKIKELPGGHKKPEDAAAVPVTHAAPVTH
AAPAPVHAPAPAAEEVSSPDAKEKKGKLLGKIMDKLPGYHKTGEEDKAAAATGEHKPSA
```

**Tableau 07:** La Recherche d'homologie de la séquence d'intérêt avec les séquences de la base de données GANBANK par l'outil BLAST (1, 2)

**1-Chercher dans BLAST l'alignement de la séquence d'intérêt, à l'aide du moteur de recherche, entrer le numéro d'accion ou la forme FASTA.**



The screenshot shows the BLAST search interface with the following annotations:

- Séquence requête:** Points to the text area containing the FASTA sequence of the LEA protein.
- Choix de la base de données:** Points to the 'Database' dropdown menu, which is set to 'Non-redundant protein sequences (nr)'.
- Choix de l'algorithme:** Points to the 'blastp (protein-protein BLAST)' radio button in the 'Program Selection' section.

2-Résultats du BLAST entre la protéine LEA avec d'autres séquences déjà disponible

Job title: Protein Sequence (268 letters)

RID JGG6U6V2014 (Expires on 06-20 07:31 am)

Query ID Id|Query\_279272

Description None

Molecule type amino acid

Query Length 268

Database Name nr

Description All non-redundant GenBank CDS translations+PDB+SwissProt+PIR+PRF environmental samples from WGS projects

Program BLASTP 2.8.0+ > Citation

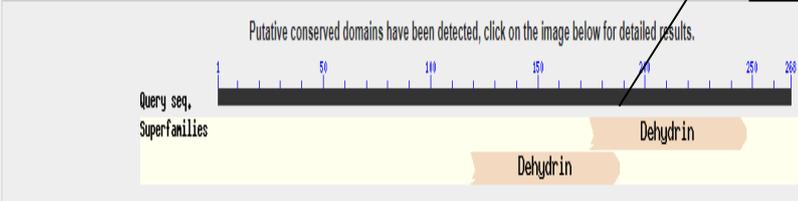
Other reports: > Search Summary [Taxonomy reports] [Distance tree of results] [Multiple alignment] [MSA viewer]

**New** Analyze your query with [SmartBLAST](#)

**Graphic Summary**

Show Conserved Domains

Putative conserved domains have been detected, click on the image below for detailed results.

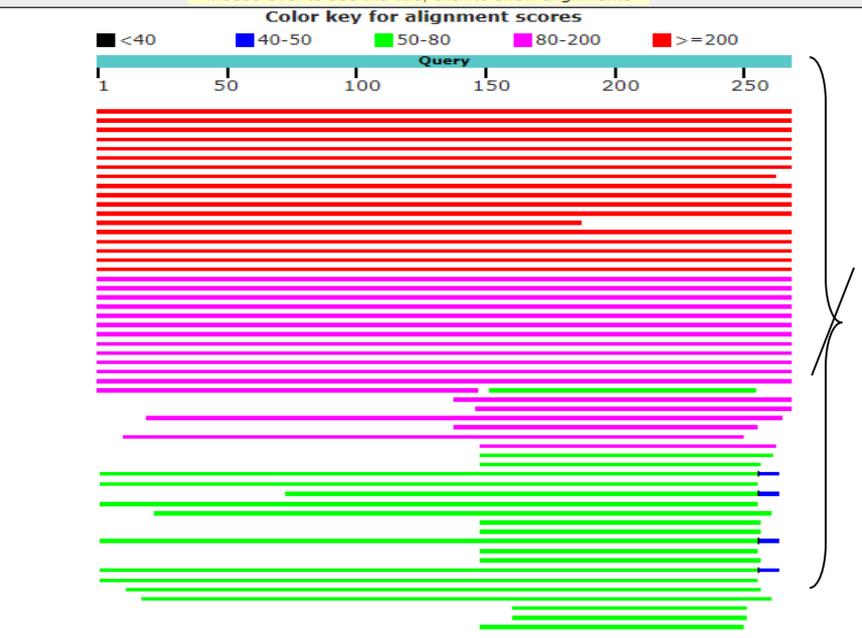


Distribution of the top 104 Blast Hits on 100 subject sequences

Mouse over to see the title, click to show alignments

Color key for alignment scores

<40	40-50	50-80	80-200	>=200
-----	-------	-------	--------	-------



Partie 1: Répartition des hits

Description	Ma	Total	Query	E	Ident
	score	score	cover	value	
<a href="#">LEA protein (Triticum turgidum subsp. durum)</a>	51	514	100%	0.0	100% <a href="#">AFI</a>
<a href="#">cold acclimation protein WCOR410a (Triticum aestivum)</a>	51	513	100%	0.0	99% <a href="#">AAI</a>
<a href="#">cold acclimation protein WCOR410c (Triticum aestivum)</a>	47	474	100%	4e-16	94% <a href="#">AAI</a>
<a href="#">dehydrin COR410 (Aegilops tauschii subsp. tauschii)</a>	46	468	100%	8e-16	94% <a href="#">XP</a>
<a href="#">RefName: Full=Dehydrin COR410; AltName: Full=Cold-induced COR410 protein</a>	46	467	100%	3e-16	94% <a href="#">PAI</a>
<a href="#">dehydrin 8 (Hordeum vulgare subsp. vulgare)</a>	32	320	100%	3e-10	88% <a href="#">AAI</a>
<a href="#">pat93 (Hordeum vulgare subsp. vulgare)</a>	31	318	100%	2e-10	87% <a href="#">CAI</a>
<a href="#">dehydrin (Triticum turgidum subsp. durum)</a>	30	301	97%	2e-99	88% <a href="#">CAI</a>
<a href="#">dehydrin (Hordeum vulgare subsp. vulgare)</a>	29	299	100%	4e-99	86% <a href="#">AAI</a>
<a href="#">hypothetical protein Os1_08410 (Oryza sativa Indica Group)</a>	25	259	100%	6e-83	70% <a href="#">EAI</a>
<a href="#">SK3-type dehydrin (Oryza sativa Japonica Group)</a>	25	257	100%	4e-82	70% <a href="#">ABI</a>
<a href="#">dehydrin COR410 (Brachypodium distachyon)</a>	25	256	100%	5e-82	77% <a href="#">XP</a>
<a href="#">cold acclimation protein WCOR410 (Aprocyron cristatum)</a>	24	241	69%	3e-77	89% <a href="#">AEI</a>
<a href="#">PREDICTED: dehydrin COR410 (Oryza sativa Japonica Group)</a>	24	244	100%	4e-77	70% <a href="#">XP</a>
<a href="#">PREDICTED: dehydrin COR410 (Oryza brachyantha)</a>	23	238	100%	2e-74	66% <a href="#">XP</a>
<a href="#">hypothetical protein Os1_07873 (Oryza sativa Japonica Group)</a>	23	234	100%	2e-73	72% <a href="#">EAI</a>
<a href="#">dehydrin COR410 (Brachypodium distachyon)</a>	20	207	100%	5e-63	72% <a href="#">XP</a>
<a href="#">dehydrin (Sibca curpurea)</a>	20	205	100%	8e-62	73% <a href="#">AHI</a>
<a href="#">late embryogenesis abundant (Cleistogenes sonopirica)</a>	19	194	100%	3e-57	54% <a href="#">AII</a>
<a href="#">dehydrin COR410 (Setaria italica)</a>	19	192	100%	2e-56	59% <a href="#">XP</a>
<a href="#">unknown (Zea mays)</a>	18	181	100%	2e-52	54% <a href="#">ACI</a>
<a href="#">DHL2-like protein (Zea mays)</a>	18	180	100%	5e-52	<a href="#">Que</a>

**LEA protein [Triticum turgidum subsp. durum]**  
Sequence ID: [AFP49819.1](#) Length: 288 Number of Matches: 1

Range 1: 1 to 268 [GenPept](#) [Graphics](#) ▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps
514 bits(1325)	0.0	Compositional matrix adjust.	268/268(100%)	268/268(100%)	0/268(0%)

Query 1 MEDERSTQSYGGGAAEQVEVTDRLGNLLGKKAEEDEKKEEELVTGMEKVSVEEPE 60  
 MEDERSTQSYGGGAAEQVEVTDRLGNLLGKKAEEDEKKEEELVTGMEKVSVEEPE  
 Sbjct 1 MEDERSTQSYGGGAAEQVEVTDRLGNLLGKKAEEDEKKEEELVTGMEKVSVEEPE 60

Query 61 VKKEEHVDGEEKETLFSKLRSSSSSSSSDEEEVVDONGEVIKRRKKKGLKLEK 120  
 VKKEEHVDGEEKETLFSKLRSSSSSSSSDEEEVVDONGEVIKRRKKKGLKLEK  
 Sbjct 61 VKKEEHVDGEEKETLFSKLRSSSSSSSSDEEEVVDONGEVIKRRKKKGLKLEK 120

Query 121 LPGHKDTGEHVTGLPAPAAPASVQTHDQVVEKIDGVKTEATPAVPEEEKKGFLEK 180  
 LPGHKDTGEHVTGLPAPAAPASVQTHDQVVEKIDGVKTEATPAVPEEEKKGFLEK  
 Sbjct 121 LPGHKDTGEHVTGLPAPAAPASVQTHDQVVEKIDGVKTEATPAVPEEEKKGFLEK 180

Query 181 IKEKLPGGHKKPEDAAAVPVTHAAPVTHAAPVHAPAPAAEEVSSPDAKKEKGLLGG 240  
 IKEKLPGGHKKPEDAAAVPVTHAAPVTHAAPVHAPAPAAEEVSSPDAKKEKGLLGG  
 Sbjct 181 IKEKLPGGHKKPEDAAAVPVTHAAPVTHAAPVHAPAPAAEEVSSPDAKKEKGLLGG 240

Query 241 INDKLPGVHKTGEEDKAAAATGEHKPSA 268  
 INDKLPGVHKTGEEDKAAAATGEHKPSA  
 Sbjct 241 INDKLPGVHKTGEEDKAAAATGEHKPSA 268

---

**cold acclimation protein WCOR410b [Triticum aestivum]**  
Sequence ID: [AAB18201.1](#) Length: 288 Number of Matches: 1

Range 1: 1 to 268 [GenPept](#) [Graphics](#) ▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps
513 bits(1320)	0.0	Compositional matrix adjust.	267/268(99%)	267/268(99%)	0/268(0%)

Query 1 MEDERSTQSYGGGAAEQVEVTDRLGNLLGKKAEEDEKKEEELVTGMEKVSVEEPE 60  
 MEDERSTQSYGGGAAEQVEVTDRLGNLLGKKAEEDEKKEEELVTGMEKVSVEEPE  
 Sbjct 1 MEDERSTQSYGGGAAEQVEVTDRLGNLLGKKAEEDEKKEEELVTGMEKVSVEEPE 60

Query 61 VKKEEHVDGEEKETLFSKLRSSSSSSSSDEEEVVDONGEVIKRRKKKGLKLEK 120  
 VKKEEHVDGEEKETLFSKLRSSSSSSSSDEEEVVDONGEVIKRRKKKGLKLEK  
 Sbjct 61 VKKEEHVDGEEKETLFSKLRSSSSSSSSDEEEVVDONGEVIKRRKKKGLKLEK 120

Query 121 LPGHKDTGEHVTGLPAPAAPASVQTHDQVVEKIDGVKTEATPAVPEEEKKGFLEK 180  
 LPGHKDTGEHVTLPAPAAPASVQTHDQVVEKIDGVKTEATPAVPEEEKKGFLEK  
 Sbjct 121 LPGHKDTGEHVTLPAPAAPASVQTHDQVVEKIDGVKTEATPAVPEEEKKGFLEK 180

Query 181 IKEKLPGGHKKPEDAAAVPVTHAAPVTHAAPVHAPAPAAEEVSSPDAKKEKGLLGG 240  
 IKEKLPGGHKKPEDAAAVPVTHAAPVTHAAPVHAPAPAAEEVSSPDAKKEKGLLGG  
 Sbjct 181 IKEKLPGGHKKPEDAAAVPVTHAAPVTHAAPVHAPAPAAEEVSSPDAKKEKGLLGG 240

Query 241 INDKLPGVHKTGEEDKAAAATGEHKPSA 268  
 INDKLPGVHKTGEEDKAAAATGEHKPSA  
 Sbjct 241 INDKLPGVHKTGEEDKAAAATGEHKPSA 268

Partie 3:  
Résultats  
détaillés  
de l'alignement

Discussion de résultats:

Le résultat du BLAST est divisé en 3 parties :

- Une vue graphique générale des séquences résultats avec différentes couleur ;
- ensuite la liste des séquences avec leur score et leur E-value ;
- enfin, une vue plus détaillée, fournissant pour chaque séquence résultat, l'alignement avec notre séquence requête.



**2-Résultats de l'alignement multiples des 16 séquences par Mega 6 (Tamura et al., 2011)**

Le programme MEGA6 (Tamura, 2011) a été utilisé pour construire un arbre phylogénétique (figure 4 et 5) suivant la méthode du Neighbor Joining.

L'alignement multiple, entre la séquence protéique LEA du blé dur et les séquences homologues appartenant à d'autres espèces (**annexe 1**), a permis de mettre en évidence les relations entre séquences que l'on ne peut visualiser en comparant les séquences deux à deux et a fait ressortir des zones à fortes similarités et des zones de faible similarité

L'analyse révèle aussi que la séquence de la protéine LEA du blé dur et celle du blé tendre *Triticum aestivum* appartiennent au même sous-groupe et enregistre le taux d'identité le plus élevé (99%) et avec une *E* value nulle  
5 groupes distincts ont été obtenus :

**GROUPE 1**

1. LEA protein *Triticum turgidum*,
2. cold acclimation protein *Triticum aestivum*,
3. dehydrin *Aegilops tauschii*,
4. dehydrin *Triticum turgidum*,
5. cold acclimation protein *Agropyron cristatum*,
6. dehydrin *Hordeum vulgare*,
7. paf93 *Hordeum vulgare*,

**GROUPE 2**

8. dehydrin *Brachypodium distachyon*,

**GROUPE 3**

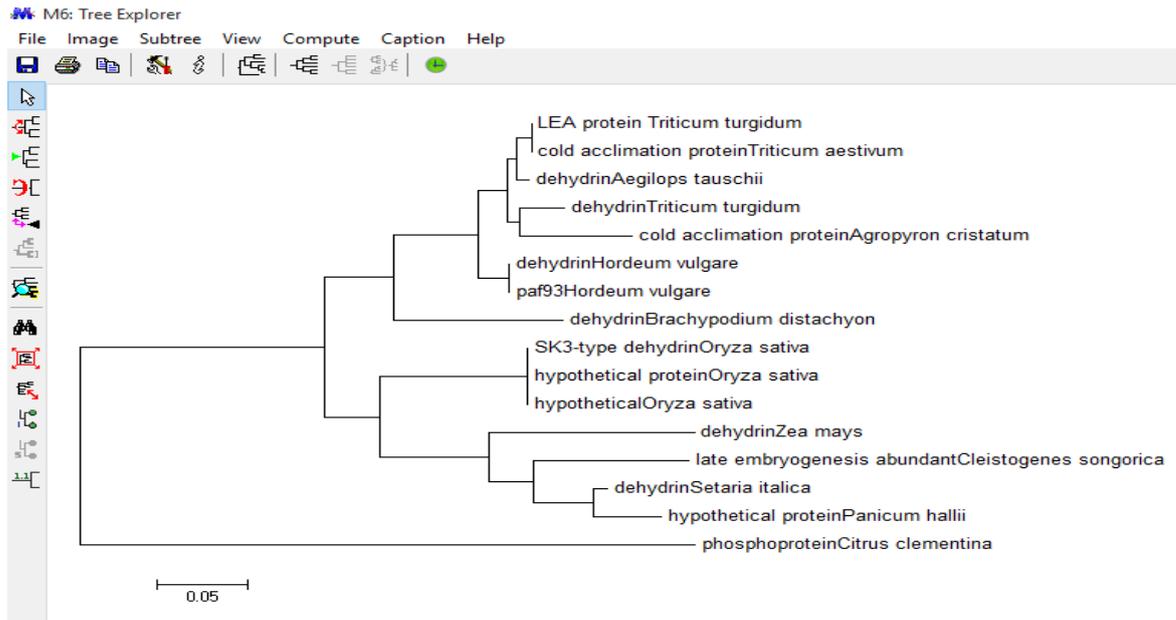
9. SK3-type dehydrin *Oryza sativa Japonica* Group,
10. hypothetical protein *Oryza sativa Indica* Group,
11. hypothetical protein *Oryza sativa Japonica* Group,

**GROUPE 4**

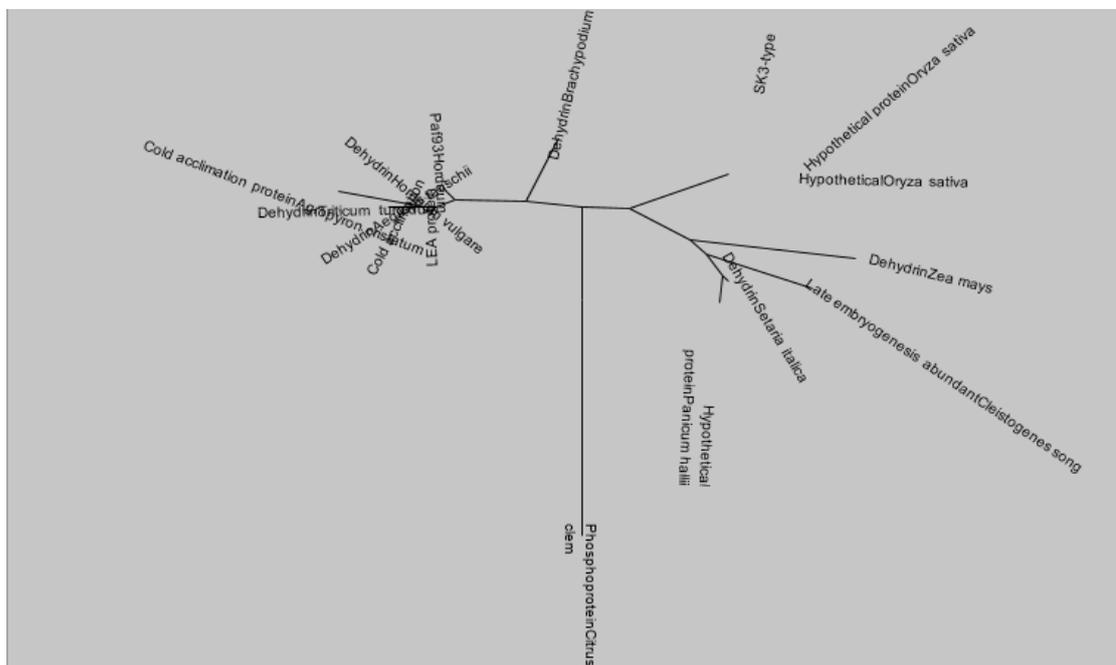
12. late embryogenesis abundant *Cleistogenes songorica*,
13. dehydrin *Setaria italica*,
14. dehydrin *Zea mays*,
15. hypothetical protein *Panicum hallii*,

**GROUPE 5**

16. phosphoprotein *Citrus clementina*



**Figure 4:** Arbre phylogénétique enraciné regroupant la séquence de la protéine LEA et les séquences homologues appartenant à d'autres espèces. Arbre construit à l'aide de logiciel MEGA 6 (Tamura, 2011)



**Figure 5:** Arbre phylogénétique non-enraciné regroupant la séquence de la protéine LEA et les séquences homologues appartenant à d'autres espèces. Arbre construit à l'aide de logiciel MEGA 6 (Tamura, 2011)

# *Conclusion*

La sécheresse est considérée comme l'un des tout premiers facteurs de limitation des rendements dans les zones méditerranéens.

Outre son rôle dans la photosynthèse, dans le transport et l'accumulation des éléments nutritifs ainsi que dans la division cellulaire et la régulation thermique, l'eau joue un rôle essentiel dans la croissance et le développement du blé. Ainsi, un déficit hydrique se traduit par une réduction de la croissance de cette plante cultivée.

La résistance globale du blé à la sécheresse apparaît comme le résultat de nombreuses modifications morphologiques, physiologiques et moléculaire, qui interagissent pour permettre le maintien de la croissance, du développement et de la production

Les gènes impliqués dans la réponse à la contrainte hydrique, codent pour une large gamme de protéines. Ces protéines jouent un rôle dans l'adaptation de la plante et de ce fait de nombreux chercheurs abordent la résistance au stress par l'isolement et l'étude de ces molécules. Elles assurent diverses fonctions. Parmi elles, il y a la régulation de l'expression des gènes induits directement dans la réponse au stress, la protection et le maintien des fonctions et structures cellulaires.

La bio-informatique consiste à obtenir une connaissance et une compréhension exhaustives de la structure et de la fonction des gènes ou protéines visées à travers une caractérisation détaillée de la totalité du génome. La recherche *in silico* réalisée à partir de la protéine LEA a conduit à la découverte de plusieurs autres protéines qui participent dans la tolérance aux contraintes environnementales

*Références  
bibliographiques*

- **Abebe T, Guenzi AC, Martin B, Cushman J** (2003) Tolerance of mannitol accumulating transgenic wheat to water stress and salinity. *Plant Physiol* 131: 1748-1755
- **Alexandersson E, Frayse L, Sjøvall-Larsen S, Gustavsson S, Fellert M, Karlsson M, Johanson U, Kjellbom P** (2005) Whole gene family expression and drought stress regulation of aquaporins. *Plant Mol Biol* 59: 469-484
- **Ameur F** (2011) Recherche de meilleures pratiques agricoles pour la culture de la pomme de terre. Thèse d'ingénieur d'Etat en Agronomie. Ecole nationale supérieure agronomique el-harrach –alger.
- **Bartels D, Sunkar R** (2005) Drought and salt tolerance in plants. *Critical review in plant sciences*. 24: 23-58
- **Bellis M, et Casellas P**, (1997) La puce ADN : un multi-réacteur de pailleasse. *Dossier technique, médecine/sciences* 13 : 1317-24
- **Ben Naceur M, Gharbi M S, Paul R**, (1999) L'amélioration variétale et les autres actions contribuant à la sécurité alimentaire en Tunisie en matière de céréales. *Sécheresse* 10:27-33
- **Berber M** (2002) -Biotechnologie- La biopuce, une nouvelle arme des chercheurs. *Radio France international*. adresse URL: [http://www1.rfi.fr/actufr/articles/026/article\\_12983.asp](http://www1.rfi.fr/actufr/articles/026/article_12983.asp) Page consultée le: 24-06-2018
- **Bonjean A** (2001) Histoire de la culture des céréales et en particulier celle de blé tendre (*Triticum aestivum* L.) Dossier de l'environnement de l'INRA. 21: 29-37.
- **Bonjean A, et Picard E** (1990) Les céréales à paille origine, historique, économie et sélection. Eds Nathan. 235
- **Boulal H, El Mourid M, Rezgui S, Zeghouane O** (2007) Guide pratique de la conduite des céréales d'automne (blés et orge) dans le Maghreb (Algérie, Maroc, Tunisie). Edition: ITGC, INRA Algérie ET ICARDA. 176
- **Bouzerzour H** (1998) Sélection pour le rendement, la précocité à l'épiaison et la biomasse aérienne chez l'orge (*Hordeum vulgare* L.) en zone semis aride. Thèses Doctorat d'Etat, Université Mentouri Constantine, Algérie
- **Boyer JS** (1976) Water deficit photosynthesis: in water deficit and plant growth. Academic press. London. 153-190
- **Chaumeil P** (2006) Plasticité moléculaire de deux écotypes de pin maritime soumis à un stress osmotique. thèse de doctorat. Université Henri Poincaré, Nancy I.
- **Chenaffi H, Aïdaoui A, Bouzerzour H, Saci A**, (2006) Yield response of durum wheat (*Triticum durum* Desf.) cultivar Waha to deficit irrigation under semi-arid growth conditions. *Asian Journal of Plant Sciences* 5: 854-860.
- **Clausen M, Kräuter R, Schachermayr G, Potrykus I, Sautter C**, (2000) Antifungal activity of a virally encoded gene in transgenic wheat. *Nature Biotech.* 18: 446-449.
- **Coutouly G, Klein E, Barbarie, Kriat M** (2012) BIOSCINCE ET TECHNIQUE: Travaux dirigés de biochimie, biologie moléculaire et bioinformatique. 4ème édition. ISBN: 978-2-7040-1354-8. 233-234
- **Dani N** (2018) Excellente production de blé pour l'Algérie en 2018. *l'express DZ*. adresse URL: <https://www.express-dz.com/2018/05/17/excellente-production-de-ble-pour-lalgerie-en-2018/> Page consultée le: 18-06-2018.
- **Delseny M** (2009) Le séquençage des génomes de plantes : vers une nouvelle révolution en biologie végétale. Laboratoire Génome et développement des plantes (LGDP) UMR, IRD Université de Perpignan, France. 18: 6.
- **Dure L, Galau GA** (1981) Developmental Biochemistry of Cottonseed Embryogenesis and Germination: XIII. Regulation of biosynthesis of principal storage proteins. *Plant Physiol* 68: 187-194
- **Ehdaie, Allouch G A, Madore M A, & Waines J G** (2006) Genotypic variation for stem reserves and mobilization in wheat: I.postanthesis changes in internode dry matter. *Crop sci.* 46:735-746
- **Feillet P** (2000) Le grain de blé. Composition et utilisation. ed : INRA, Paris, 2000, 303 P.

- **Fischer R A, Maurer R**, (1978) Drought resistance in spring wheat cultivar. Grain yield responses. *Aus J. Agr. Res* 29: 897-912.
- **Florens L, Liu X, Wang Y, Yang S, Schwartz O, Peglar M, Carucci DJ, Yates JR, Wub Y**, (2004) Proteomics approach reveals novel proteins on the surface of malaria-infected erythrocytes. *Mol. Biochem. Parasitol.* 135: 1-11
- **Gabriel Gallezot** (2002) La recherche in silico. les chercheurs et la documentation numérique, Editions du cercle de la librairie. 229: 253, 2002.
- **Gallais A et Bannerot H** (1992) Amélioration des espèces végétales cultivées. Objectifs et critères de sélection. Ed : INRA. 768
- **Gaufichon L, Prioul J L, Bachelier B**, (2010) Quelles sont les perspectives d'amélioration génétique de plantes cultivées tolérantes à la sécheresse, 68
- **Goyal K, Walton LJ, Tunnacliffe A** (2005) LEA proteins prevent protein aggregation due to water stress. *Biochem J* 388: 151-157
- **Grelet J, Benamar A, Teyssier E, Avelange-Macherel MH, Grunwald D, Macherel D** (2005) Identification in pea seed mitochondria of a late-embryogenesis abundant protein able to protect enzymes from drying. *Plant Physiol* 137: 157-167
- **Hireche Y A** (2006) Réponse de la luzerne (*Medicago sativa* L) au stress hydrique et à la profondeur de semis. Mémoire de Magister, Université Al Hady Lakhdar-Batna (Algérie). 83
- **Houdebine L M** (2000) Modifications génétiques animales et végétales : méthodes de transgène et expression des transgènes. 16: 1017.
- **Jubault M, Hamon C, Gravot A, Lariagon C, Delourm R, Baucherou A, and Manzaneres-Dauleaux M J**, (2008) Differential regulation of root arginine catabolism and polyamine metabolism in clubroot-susceptible and partially resistant *Arabidopsis* genotype. *Plant Physiol.* 146: 2008-2019
- **Kacem N S** (2017) Sélection in vitro pour la tolérance au stress hydrique chez le blé dur (*Triticum durum* Desf): approche protéomique, transcriptomique et génétique. Thèse de doctorat. Université Frères Mentouri. Constantine. 171p
- **Kaiser H M, Riha S J, Wilks D S, Rossiter D G, et Sampath R** (1993) A farm-level analysis of economic and agronomic impacts of gradual warming, *American Journal of Agricultural Economics.* 75: 387-398.
- **Kiang J G, Tsokos G C** (1998) Heat shock proteins 70 kDa, *Molecular Biology, Biochemistry and Physiology. Pharmacol. Ther* 80: 183-201
- **Kosová K, Vítámvás P, Prášil IT**, (2014) Proteomics of stress responses in wheat and barley-search for potential protein markers of stress tolerance. *Front Plant Sci* 5: 711
- **Lesage V** (2011) Contribution à la validation fonctionnelle du gène majeur contrôlant la dureté/tendreté de l'albumen du grain de blé par l'étude de lignée quasi-isogénique. Thèse de doctorat. Université Blaise Pascal. 236
- **Less H, and Galili G**, (2008) Principal transcriptional programs regulating plant Amino Acide metabolism in response to abiotic stresses. *Plant Physiol* 146: 316-330
- **Malamy J E** (2005) intrinsic and environmental pathway that regulate root system architecture. *Plant cell environ* 28: 67-77
- **Mani S, Van De Cotte B, Van Montagu M, Verbruggen N**, (2002) Altered levels of proline dehydrogenase cause hypersensitivity to proline and its analogs in *Arabidopsis*. *Plant Physiology* 128: 73-83
- **May L H, ET Milthorpe F L** (1962) Drought resistance of crops plants. *Field Crop Abstr.* 15: 171-179
- **Mekhlouf A, Bouzerzour H, Benmahammed A, Hadj Sahraoui A, Harkati N**, (2006) Adaptation des variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.) au climat semi-aride. *Sécheresse.* 17(4) : 507-13
- **Michaut M** (2008) Analyse de données transcriptome et protéome pour l'étude des réponses aux stress oxydants et aux métaux lourds. *Sciences du Vivant [q-bio]. Université Paris Sud - Paris XI.* 345

- **Miège E M** (1950) Les principales espèces et variétés de blé cultivées en Afrique du nord. *Revue Internationale de Botanique Appliquée et d'Agriculture Tropicale*. 16- 38
- **Mortuaire G, Marchetti P, Formstecher P, Danzé P M**, (2004) Nouvelle approche globale en protéomique : les biopuces à protéines. *Techniques actuelles et applications*. Laboratoire de biochimie, Hôpital cardiologique, CHRU Lille.
- **Okubara P A, Blechl A E, McCormick S P, Alexander N J, DillMacky R, Hohn T M**, (2002) Engineering deoxynivalenol metabolism in wheat through the expression of a fungal trichothecene acetyltransferase gene. *106*: 74-83.
- **Oshiro G, Wodicka LM, Washburn MP, Yates JR, Lockhart DJ, Winzeler EAm** (2002) Parallel identification of new genes in *Saccharomyces cerevisiae*. *Genome Res*. 12: 1210-1220
- **Pascal, Martin GP**, (2007) Etude du potentiel de regulation genique exerce par l'isoforme alpha du recepteur active par les proliferateurs de peroxysomes (ppar $\alpha$ ).Thèse de doctorat. Université Toulouse III – Paul Sabatier. 568
- **Passioura J** (2004) Increasing crop productivity when water is scarce: From breeding to field management In: *Proceedings of the 4th International Crop Science Congress "New directions for a diverse planet"* Brisbane, Australia. 12. [www.regional.org-au/au/cs](http://www.regional.org-au/au/cs).
- **Payne WE, Garrels JIm** (1997) Yeast Protein database (YPD): a database for the complete proteome of *Saccharomyces cerevisiae*. *Nucleic Acids Res*. 25: 57-62
- **Pfeiffer W H, Sayre K D, & Reynolds M P** (2000) Enhancing genetic grain yield potential and yield stability in durum wheat. *Options méditerranéennes*. 40: 83-93
- **Schulze E-D, Beck E, & Müller-Hohenstein K**, (2005) *Plant ecology*. Springer. Berlin. 117-143
- **Slafer G A, Araus J L, Royoand C, Garcia Del Moral L F** (2005) Promising ecophysiological traits for genetic improvement of cereal yields in Mediterranean environments, *Ann Applied Biol*, 146: 61-70.
- **Slama A** (1996) Effet d'une contrainte hydrique édaphique sur le développement du système racinaire de deux variétés de blé dur. DEA de physiologie végétale, faculté des sciences de Tunis,
- **Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S** (2011) MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Mol Biol Evol* 28: 2731-2739
- **Tao F, Zhang Z** (2011) impacts of climate change as a function of global mean temperature: maize productivity and water use in China. *Clim Change*. 109: 409-432.
- **Tse C, Capeau J**, (2003) Quantification des acides nucléiques par PCR quantitative en temps réel. *Annales de Biologie Clinique*. 61: 279-293
- **Valliyodan B, Nguyen HT**, (2006) Understanding regulatory networks and engineering for enhanced drought tolerance in plants. *Curr Opin Plant Biol* 9: 189-195
- **Verkman AS** (2005) More than just water channels: unexpected cellular roles of aquaporins. *J Cell Sci*. 118: 3225-32
- **Virlouvet L** (2011) Identification et caractérisation de gènes impliqués dans la variation de caractères quantitatifs affectés par la sécheresse chez le maïs.thsese de doctorat. Université paris-sud 11 u.f.r. scientifique d'orsay. 304
- **Wang W, Vinocur B, Altman A**, (2003) Plant responses to drought, salinity and extreme temperatures: towards genetic engineering for stress tolerance. *Planta* 218: 1-14
- **Wang W, Vinocur B, Shoseyov O, Altman A** (2004) Role of plant heat-shock proteins and molecular chaperones in the abiotic stress response. *Trends Plant Sci* 9: 244- 252
- **Witcombe JR, Hollington PA, Howarth CJ, Reader S, Steel KA** (2009) Breeding for abiotic stress-resistance for sustainable agriculture. *Phil. Trans. R. Soc. B*. 363: 703-716
- **Xiao G, Zhang Q, Yao Y, Zhao H, Wang R, Bai H, Zhang F** (2008) impact of recent climatic change on the yield of winter wheat at low and high altitudes in semi-arid northwestern China *Agric Ecosys Environ*. 127: 37-42
- **Xiong L, Schumaker KS, Zhu JK** (2002) Cell signaling during cold, drought, and salt stress. *Plant Cell* 14 Suppl: 165-183

- **Zhang J, Nguyen HT, Blum A**, (1999) Genetic analysis of osmotic adjustment in crop plants. *J Exp Bot* 50: 291-302

# *Annexes*

## Annexe 1

## Numéros d'accessions des Séquences protéique sélectionnés

>AFP49819.1 LEA protein [*Triticum turgidum* subsp. durum]  
 MEDERSTQSYQGGEAAEQVEVTDGRLLGNLLGKKKAEDKEKKEEELVTGMEKVSVEEPEVKKEEHVDGE  
 KKETLFSKLRSSSSSSSSSSDEEEEEVIDDNGEVIKRRKKKGLKEKLQEKLPGHKDTGEHVTGLPAPAA  
 PASVQTHHDTDVVVEKIDGDVKTEATPAVPEEEKKGFLKIKIKELPGGHKKPEDAAAVPVTHAAPVTH  
 AAPAPVHAPAPAAEEVSSPDAKEKKGLLGKIMDKLPGYHKTGEEDKAAAATGEHKPSA

>AAB18201.1 cold acclimation protein WCOR410b [*Triticum aestivum*]  
 MEDERSTQSYQGGEAAEQVEVTDGRLLGNLLGKKKAEDKEKKEEELVTGMEKVSVEEPEVKKEEHVDGE  
 KKETLFSKLRSSSSSSSSSSDEEEEEVIDDNGEVIKRRKKKGLKEKLQEKLPGHKDTGEHVTALPAPAA  
 PASVQTHHDTDVVVEKIDGDVKTEATPAVPEEEKKGFLKIKIKELPGGHKKPEDAAAVPVTHAAPVTH  
 AAPAPVHAPAPAAEEVSSPDAKEKKGLLGKIMDKLPGYHKTGEEDKAAAATGEHKPSA

>XP\_020189459.1 dehydrin COR410 [*Aegilops tauschii* subsp. tauschii]  
 MEDERSTQSYQGGEAAEQVEVTDGRLLGNLLGKKKAEDKEKKEEELVTGMEKVSVEEPEVKKEEHEDGK  
 KETLFSKLRSSSSSSSSSSDEEEEEVIDDNGEVIKRRKKKGLKEKLQKLPGHKDTGEHVTGLPAPAAP  
 ASVQTHGGHDTDVVVEKIDGDVKTEAAPAVPEEEKKGFLKIKIKELPGGHKKPEDAAAVPVTHAAPV  
 HAPAPAPEEVSSPDAKEKKGLLGKIMDKLPGYHKTGEEDKAAAATGEHKPSA

>AAD02259.1 dehydrin 8 [*Hordeum vulgare* subsp. vulgare]  
 MEDERSTQSYQGAADQVEVTDGRLLGNLLGKKKEEEDKKEEELVTGMEKVSVEEPEVKEDGKKEKTLF  
 SKLHRSSSSSSSSSSDEEEEEVIDENGEVIKRRKKKGLKEKLKEKLPGHKDNEAEHVTGLPAPMAPASVQ  
 THHDTDVVVEKIDGDAKTEATPAVPEEEKKGFLKIKIKELPGGHKKPEDAAAVPVTHAAPVHAPAPAA  
 EEVSSPDAKEKKGLLGKIMDKLPGYHKTGEEDKAAAPSGEHKPPRA

>CAA58875.1 paf93 [*Hordeum vulgare* subsp. vulgare]  
 MEDERSTQSYQGAADQVEVTDGRLLGNLLGKKKEEEDKKEEELVTGMEKVSVEEPEVKEDGKKEKTLF  
 SKLHRSSSSSSSSSSDEEEEEVIDENGEVIKRRKKKGLKEKLKEKLPGHKDNEAEHVTGLPAPTAPASVQ  
 THHDTDVVVEKIDGDAKAEATPAVPEEEKKGFLKIKIKELPGGHKKPEDAAAVPVTHAAPVHAPAPAA  
 EEVSSPDAKEKKGLLGKIMDKLPGYHKTGEEDKAAAPSGEHKPPRA

>CAI65404.1 dehydrin [*Triticum turgidum* subsp. durum]  
 MEDERSTQSYQGGEAAEQVEVTDGRLLGNLLGKKKAEDKEKQEELVTGMEKVSVEEPEVKKEEHEDGK  
 KETLFSKLRSSSSSSSSSSDEEEEEVIDDNGEVIKRRKKKGLKEKLKEQAARPQGYTEGEHVTGLPAPVA  
 PASVQTHHDTDVVVEKIDGDVKTEAAPAVPEEEKKGFLKIKIKELPGGHKKPEDAAPVPVTHAAPVHA  
 PAPSAAEVTIPDPKEKKGLLGKIMDKLPGYHKTGEEDKSAAAAGRAQSQRNLNAAVPETRDRTPIELLACV  
 VFALR

>EAY87014.1 hypothetical protein OsI\_08410 [*Oryza sativa* Indica Group]  
 MEDERNTEHQGGEAAEQVEVKDRGLFDNLLGRKKDDQPEEKHEEELVTGMEKVSVEEPEVKKEEHAEAGE  
 KESLLSKLHRSSSSSSSSSSDEEEEEVIDDNGEVVRRKKKGLKEKIKIKELPGHKDHAGEHAPPPAATG  
 FPAPAPPASVVTAAPTAPAPVTHGDHHDHTAVPVEKIEGDHAKTEATLPHAPEEKKGFLDKIKIKELP  
 GGHHKKPEDATAVPPPPAAPATTPAPAHPPPATEEVSSPDGKEKKGILGKIMEKLPYHKGSGEEDKT  
 AAAATGEHKSSA

>ABS44866.1 SK3-type dehydrin [Oryza sativa Japonica Group]  
 MEDERNTEHQGGEAAEQVEVKDRGLFDNLLGRKKDDQPEEKKHEEELVTGMEKVSVEEPKKEEHHAEGE  
 KKESSLKSLHRSSSSSSSSSSSDEEEVIDDNGEVVKKKKKGLKEKIKEKLPGHKDHAGEHAPPPAATG  
 FPAPAPPASVVTAAPTAPAPVVTTHGDHHDHTAVPVEKIEGDHAKTEATLPHAPEEEKKGFLDKIKEKLP  
 GGHKKPEDATAVPPPAAPAAAPATTPAPAHPPPATEEVSSPDGKEKKGILGKIMEKLPGYHKSGSEEDKT  
 VAAATGEHKSSA

>XP\_003579810.1 dehydrin COR410 [Brachypodium distachyon]  
 MEDERNTOHQQAADQVEVTDGRGLFDKFIGKKEEEDKQKEEVLVTGMEKVSVEEPEVKEEVEHQDGEKKE  
 SLFTKLQRSSSSSSSSSSSDEEEVIDDNGEVIKRRKKKGLKEKIKEKLPGHKDETEGEHKTAAPTGGPPVPS  
 HHHDDGAVVVEKIDGVEKTEAPPAPPEEKKGFLEKIKEKLPGGHKKPEDTAAVPVTHGAPAPVHTPGPAA  
 TEEVSSPEKKGILGKIMDKLPGYHKTPGEEDKAAAGEHKTTA

>AEJ88292.1 cold acclimation protein WCOR410, partial [Agropyron  
 cristatum]  
 MEDERSTQSYQGGEADQVEVTDGRLLGNLLGKKKAEDKQKEEELVTGMEKVSVEEPEVKKEEHEGGEKK  
 ETLFSKSLHRSSSSSSSSSSSDEEEVIGDNGEVIKRRKKKGLRAKLAGHKGTEGEHATGLPAPAAPPSVQT  
 HGGHHDTDVVVEKIDGDVKTEATPAVPEEKKGFMEKIKEKLP

>EAZ24133.1 hypothetical protein OsJ\_07873 [Oryza sativa Japonica  
 Group]  
 MEDERNTEHQGGEAAEQVEVKDRGLFDNLLGRKKDDQPEEKKHEEELVTGMEKVSVEEPKKEEHHAEGE  
 KKESSLKSLHRSSSSSSSSSSSDEEEVIDDNGEVVKKKKKGLKEKIKEKLPGHKDHAAAPVVTTHGDHHD  
 DTAVPVEKIEGDHAKTEATLPRAPEEKKGFLEKIKEKLPGGHKKPEDATAVPPPAASPAAPATTPAPAH  
 PPPATEEVSSPDGKEKKGILGKIMEKLPGYHKSGSEEDKTAATAATGEHKSSA

>EAZ24133.1 hypothetical protein OsJ\_07873 [Oryza sativa Japonica  
 Group]  
 MEDERNTEHQGGEAAEQVEVKDRGLFDNLLGRKKDDQPEEKKHEEELVTGMEKVSVEEPKKEEHHAEGE  
 KKESSLKSLHRSSSSSSSSSSSDEEEVIDDNGEVVKKKKKGLKEKIKEKLPGHKDHAAAPVVTTHGDHHD  
 DTAVPVEKIEGDHAKTEATLPRAPEEKKGFLEKIKEKLPGGHKKPEDATAVPPPAASPAAPATTPAPAH  
 PPPATEEVSSPDGKEKKGILGKIMEKLPGYHKSGSEEDKTAATAATGEHKSSA

>AWJ68140.1 late embryogenesis abundant [Cleistogenes songorica]  
 MEDERNTOYHQGGESREKAADQVEVKERGLLDLTLGRKKAPEDQEAQEEALVSGMENVKVSEPEKHEVK  
 KEEHEGGEKESLLAKLHRTSSSSSSSSSDEEEVIDENGEVVKRRKKKGLKEKIKEKLPGHKDHNVVEGEH  
 KPYTPAPVPTHVHQEAHEKPYVPPAPASVETHAYKEDDDHKAYVPAPAPAVTTTHVHHEDNAVVVQKV  
 EETPEKGLLDKIKEKLPGGHKKPEDAAAAAPAAHPPAPHAEDVSSPDGKEKKQGLLGKIMDKIPGYNKSP  
 AEEDHKSATAAGEHKTSS

>XP\_004953407.1 dehydrin COR410 [Setaria italica]  
 MEDERNTOHQGGEAQEKAADQVEVKDRGILDTLGRKKPEDQEKQEEELVTGMEKVTVAEPEKHEHK  
 KEEHEAGEKESLLAKLHRTSSSSSSSSSDEEEVIDENGEIVKRRKKKGLKEKIKEKLPGHKDHAEAGEHH  
 TAVPAPAPAVETHAYKEDDHKPYVPAPAPPPVETHVHHHDHAVVVQKIEDDAKTAPPAPPEEKKGLLD  
 KIKEKLPGGHKKPEDAAGAPAVHAPAPTPTEDVSSPDGKEKKGLLGKIMDKIPGYNKSGSEEDHKAAGA  
 AAGEHKTSS

>ACG38560.1 dehydrin COR410 [Zea mays]  
 MEDERNTOHQGGEAQQAADQVDVKDRGLLDLGRKKHDDQEKKQTDLATGMEKVTVSEPEKHGH  
 KEEHEVVEGKEGELLAKLHRTSSSSSSSSSDEEEVIDENGEIIVKRRKKKMLKEKIKEKLPGHKDGHHT  
 AAPSPAPAVETHAHHQEEAHRPHVPTPAPPPPHVHQHDHGVVVQDDVKTGTPPHAPEEKKGLLDKI  
 KEKLPGGHNKPEAAAAAPAPPVHAPAPAPQAENVSSPDGKEKKGGLLGKIMDKIPGYHKSAAEADHK  
 ADAAGEHRTSS

---

>PUZ76987.1 hypothetical protein GQ55\_1G334500 [Panicum hallii var. hallii]

MEDERSTQHHQVGEAQEKAAGHVEVKDRGILDITLLGRKKPEDQEKQQPEEELVTGMEKVTVAEPEKHEHK  
KEEHETGEKKESLLAKLHRTSSSSSSSSSDEEEIIIDENGEIVKRKKKKGLKEKIKEKLPGHKDHAEGEHH  
AAVPAPAPAPVGTTHAYKEEEHKPYVPAPAPPPAVETHVHHHDHAVVVQKVEDDAPPAPEEEEKGLLDKIK  
EKLPGGHKKPEDAAPAVHAPAPAPAPHAEDVGS PDGKEKKGLLGKIMDKIPGYNKGSGEEDHKAAGGEHK  
TSSS

>XP\_006435313.1 phosphoprotein ECPP44 [Citrusclementina]

MAEEIKKQQKSHEYEPSVGTEGAVETKDRGMLDFLGKKEEEKPQHHDQGVIAFEKVKHVSEPPKVEEH  
RKEEKEEEKKPGFLDKLHRSTSSSSSSSDEEEGDDEEKKKKKKGLKEKLEKISGEKEEDTTVPVEK  
LDDVHAPHHQEEAHPEEKKGFLNKIKEKLPGQKKPEDHQVPSAAAHEHPTSVEAPEAEAKEKKGILEKL  
KEKLPGYHPKSEDEKDKDKETAA

**Année universitaire :**  
2017/2018

**Présenté par : TEBBAL KHADIDJA**

**INTITULÉ : Étude moléculaire de protéines impliquées dans  
l'adaptation du blé dur (*Triticum durum* Desf.) au stress hydrique  
(Approche *in silico*)**

Mémoire de fin de cycle pour l'obtention du diplôme de Master en  
biotechnologie et génomique végétale

Le blé dur est une espèce céréalière stratégique occupant une place cruciale dans le système alimentaire et dans l'économie de nombreux pays dans le monde, principalement cultivé dans les pays du bassin méditerranéen à climat arides et semi-arides, où la pluviométrie et la température sont sujettes à de grandes variations intra et inter annuelles, qui affectent sérieusement les rendements. L'amélioration de la tolérance reste un objectif de sélection prioritaire dans ces zones .

Le présent travail consiste en une recherche bibliographique qui renforce les concepts de l'amélioration des plantes par l'étude de leurs réponses physiologiques et moléculaires sous stress hydrique. Les gènes impliqués dans la réponse à la contrainte abiotique, qu'ils soient induits ou réprimés, codent pour une large gamme de protéines assurant diverses fonctions qui aident la plante à tolérer et à s'adapter face aux variations de l'environnement. Une autre approche au service de la science et des chercheurs, l'approche *in silico*, qui permet d'analyser, traiter et comparer l'information biologique collectée *in vivo* et/ou *in vitro* à l'aide de l'outil informatique.

**Mots clés :** blé dur, Stress hydrique, expression génique, recherche *in silico*.

**Laboratoire de recherche :** Génétique, Biochimie et Biotechnologie Végétale-UFM

Jury d'évaluation :

**Président du jury :** *KECHID Maya* (Maitre de Conférences - UFM Constantine),

**Rapporteur :** *KACEM Nadia Sandra* (Maitre de Conférences - UFM Constantine),

**Examineur :** *HAMLA Chourouk* (Maitre de conférences - UFM Constantine).

**Date de soutenance :** 27 juin 2018