



الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية

REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET
POPULAIRE

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي



MINISTERE DE L'ENSEIGNEMENT SUPPERIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENFITIQUE

Université Frères Mentouri Constantine 1

جامعة الإخوة منتوري قسنطينة 1

Faculté des sciences et de la nature et de la vie

كلية علوم الطبيعية والحياة

MEMOIRE DE FIN D'ETUDE

Département de la biologie Appliquée

Mémoire en vue l'obtention du diplôme de MASTER

Domaine : Sciences de la Nature et de la vie

Filière: Sciences Biologiques

Spécialité: Bioinformatique

Intitulé

**Etablissement d'une base de données pour
maladies fongiques chez le blé**

Présenté et soutenu par:

Le :12/07/2021

- ✓ Bouchagoura Roumeissa
- ✓ Zebiri Aya

Jury d'évaluation:

Président: Dr. KELLOU. K

M.A.A. UFM Constantine1.

Encadrant: Dr.TEMAGHOULT. M

M.A.A. UFM Constantine1.

Examineur: Dr. CHEHILI. H

M.C.A. UFM Constantine1.

Année universitaire: 2021/2020

Remerciements

Avant tout , nous remercions ALLAH : le tout Miséricordieux , l'unique , le puissant , Maitre des cieux et de la terre pour nous avoir guidé , protégé , aidé et nous a permis de mener à bien ce travail .

C'est avec un grand plaisir que nous réservons ces lignes en signe de gratitude et de reconnaissance à ceux qui ont contribué de près ou de loin à l'élaboration de ce travail :

Notre responsable monsieur Dr.TAMAGOULT Mahmoude encadreur de notre mémoire, merci pour son aide, la correction du manuscrit, et pour sa patience.

Ensuit nous tenons à remercier les membres du jury Mr. KELLOU. K et Mr. CHEHILI.H pour avoir pris le temps d'évaluer et de corriger ce mémoire.

Nous n'oublierons pas de remercier tous ceux qui nous ont soutenues et encouragées tout au long de la réalisation de ce travail.

Merci à tous.

Dédicace

Je dédie ce travail à

*Ma mère, sources de tendresse et d'amours pour leurs
soutiens tout le long de notre vie.*

*Mon père, qui me toujours soutenus et qui me fait tout
possible pour m'aider.*

Mes frères Islam et Yasser et mon Marie Hocine

Ma grande famille "zebiri"

Mes cher ami (e) s, et enseignants (e)

*Tout qu'on collaboré de prés ou de loin à l'élaboration
de ce
travail.*

Que dieu leur accorde santé et prospérité.

Aya

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

A Mes sœurs : chayma, khadidja, Rania , et mes frères Zakaria , Abd Erahmane pour votre amour, Votre soutien et votre confiance, Je vous remercie de tout cœur.

A mon cher mari et compagnon de vie Ilyes qui m'a toujours encouragé moi et sa famille

A celle qui m'aider à accomplir cette note, Sœur Hayat ,à tout le monde Pour qui j'aime et j'apprécie. Je dédie cet humble travail, espérant que Dieu Tout-Puissant trouvera le succès et l'acceptation.

Merci pour tout, pour vos encouragements et soutient

Roumeissa

Résumé

L'objectif de ce présent travail est d'établir une base de donnée que sera dédiée à étude des blés (Genre *Tritium*) les données est collecté a partir des différent ressource bioinformatiques et regroupé de la base de donnée liée Access à page web, les fonctionnalités qu'offre cette base de donnée par mettre ou séléctionnaire travaillent dans le domaine améliorations génétique des résistance aux maladie fongique chez les blés de faire an plusieurs analyse moléculaire sur 60 gènes de résistance aux maladie de la rouille des tiges, la rouille rayée, la rouille des feuilles et la brûlure de l'épi fusarienne en ce que aux marquer lié.

Mot clé :

blé (Genre *Tritium*),maladie fongique, base de données .

Abstract

The objective of this present work is to establish a database that will be dedicated to the study of wheat (Tritium Genus) the data is collected from the different bioinformatic resources and gathered from the database linked Access to web page, functionalities offered by this database by putting or selecting work in the field of genetic improvements in resistance to fungal disease in wheat to perform several molecular analyzes on 60 genes for resistance to diseases of stem rust, striped rust, leaf rust and fusarium head blight in that to mark tied.

Keyword :

wheat (Genus Tritium), fungal disease, database.

المخلص

الهدف من هذا العمل الحالي هو إنشاء قاعدة بيانات مخصصة لدراسة القمح (جنس التريتوم)، حيث يتم جمع البيانات من مصادر المعلومات الحيوية المختلفة وتجميعها معًا من قاعدة البيانات المرتبطة بالوصول إلى صفحة الويب، والوظائف التي توفرها قاعدة البيانات هذه من خلال وضع أو اختيار عمل في مجال التحسين الوراثي لمقاومة الأمراض الفطرية في القمح لإجراء عدة تحاليل جزيئية على 60 جينًا للمقاومة لأمراض صداً الساق والصداً المخطط وصداً الأوراق ولفحة الرأس الفيوزاريوم في ذلك لتحديد الارتباط.

كلمة مفتاحية :

القمح (جنس التريتوم)، الأمراض الفطرية، قاعدة البيانات.

LISTE DES ABREVAITIONS

T .Spontaneum : *Triticum Spontaneum*

T .dicoccoides: *Triticum dicoccoids*

T .dicoccum : *Triticum dicoccum* :

T .turgidum : *Triticum turgidum*

T .durum : *Triticum durum*

T .vulgare : : *Triticum vulgare*

T .aestivum : : *Triticum aestvum*

T .spelta : *Triticum spelta*

MIGREW: database on molecular identification of genes for resistance in wheat

MAS Wheat: Marker Assisted selection in Weat

HTML :Hyper Text Mark up Language.

Http : Hyper Text Transfer Protocol.

css: Cascading Style Sheets.

NCBI: National Center for Biotechnology Information.

CDS: séquence ADN codant

°C :Degrés Celsius.

LISTE DES FIGURES

Figure 1 :	Carte de diffusion de la culture du blé - dates par rapport à aujourd'hui.	3
Figure 2 :	cycle biologique du blé.	4
Figure 3 :	Feuille de blé infectée par la septoriose (<i>S tritici</i>).	7
Figure 4 :	Symptômes de la rouille brune due à <i>Puccinia triticina</i> .	7
Figure 5 :	Feuille de blé infectée par la rouille jaune <i>Puccinia striiformis</i> .	8
Figure 6 :	Tige du blé infectée par la rouille noire <i>Puccinia graminisf.sp.tritici</i> .	8
Figure 7 :	l'oïdium sur épi et feuille de blé.	9
Figure 8 :	Feuille du blé infectée par la tache auréolée <i>Pyrenophora tritici-repentis</i> .	10
Figure 9 :	charbon nu du blé <i>Ustilago tritici</i> .	10
Figure 10 :	l'épi du blé carié.	11
Figure 11 :	Interface de MIGREW.	18
Figure 12 :	Interface de MASWheat.	18
Figure 13 :	La liste complète des protocoles disponibles sur MASWheat.	19
Figure 14 :	Interface de GENBANK.	19
Figure 15 :	Interface de Primer3web.	20
Figure 16 :	Interface de l'Access 2007.	20
Figure 17 :	création les tables des gènes.	21
Figure 18 :	présentation capture de l'environnement de travail en l Node.	21
Figure19 :	présentation capture Création des pages HTML dans le dossier views.	22
Figure 20:	présentation capture dossier public.	22
Figure 21:	représentation capture de dossiers contenant des fichiers des gènes et marqueurs.	23
Figure 22:	Interface application web	24
Figure 23:	Représentation capture des maladie	25

Figure 24:	Représentation capture recherche des gènes.	25
Figure25:	Représentation capture information de gènes.	26
Figure26:	interface A propos.	26

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 1 : Classification du Blé	3
Tableau 2 : Les principales maladies fongiques du blé	6

Sommaire

Introduction.....	1
Chapitre I: Revue bibliographique	
I .1. Les céréales.....	2
I .2. Le blé.....	2
I .2.1.Classification.....	2
I .2.2.Importance du blé.....	3
I .2.2.1.Dans le monde.....	3
I .2.2.2.En Algérie.....	4
I .2.3.Cycle biologique.....	4
I .2.4.Origine génétique.....	4
I .2.5.Caractéristiques morphologiques.....	5
I.3.Les maladies fongique chez le blé	5
I.3.1.Généralités sur les maladies:.....	5
I.3.2.Les maladies fongiques.....	5
I.3.3.Les principales maladies fongiques du blé.....	6
I.3.4.Maladies causant des symptômes localisés sur le feuillage.....	7
I.3.4.1.Les septorioses du blé.....	7
I.3.4.2. Les rouilles.....	7
I.3.4.2.1. Rouille brune.....	7
I .3.4.2.2.Rouille jaune.....	8
I.3.4.2.3.Rouille noire ou rouille des tiges.....	8
I.3.4.3.L'oïdium du blé.....	9
1.3.4.3. La tache auréolée du blé :.....	10
I .3.5.Maladies causant des symptômes sur les épis.....	10
1.3.5.1. Le charbon nu du blé.....	10
1.3.5.2. La carie commune du blé:.....	11
I .4.La bioinformatique:.....	11
I.4.1. Définition La bioinformatique.....	11
I .4.2.Base et banque de données.....	12
I .4.3.Les domaines de la bioinformatique.....	12
I .4.3.1.Phylogénies.....	12
I.4.3.2.L'annotation du génome.....	13

I.4.3.3.L'analyse et la comparaison des séquences.....	13
I .4.3.4.L'analyse de données d'expression génique:.....	13
I .4.3.5.La conception / la découverte de médicaments (Drug Design).....	13
I.4.3.6.Analyse de l'expression des protéines.....	14
I .5. Technologie Web.....	14
I .5.1.Les termes rattachés au Web.....	14
I.5.2.Les sites web.....	15
I.5.3.Application Web.....	15
Chapitre II : Matériels et Méthodes	-
I. Matériels :	16
II. Méthodes	17
II. 1. Collecte des données.....	17
II. 2. La base de données en ACCESS.....	20
II. 3. Application web.....	21
Chapitre III : Résultat et discussion	24
Conclusion	28
Références bibliographiques	29

Introduction

En Algérie, les céréales constituent l'alimentation de base de la population. Elles couvrent environ 60% des terres cultivées.

Le blé peut subir de nombreuses maladies à différents stades de son développement. Ces dernières peuvent occasionner des pertes importantes lorsque les variétés utilisées sont sensibles et les conditions de l'environnement sont favorables à l'expansion de la maladie ((**Hannouni, 2012**))

Les deux espèces du blé les plus étudiées en vue de leur grande importance économique sont

- Le blé dur (*Triticum Durum*) : il est très riche en Gluten et utilisé pour la production

des semoules et des pâtes alimentaires.

- Le blé tendre (*Triticum aestivum*) : il est cultivé pour la production de la farine utilisée pour la fabrication du pain (**Tizioualou, 2009**).

Un gène de résistance est une portion d'ADN codant une substance permettant la survie d'un organisme face à une attaque biotique ou abiotique. Il peut permettre la survie dans un milieu comportant une molécule toxique, un système de défense face à un pathogène ou un prédateur.

L'objectif de ce mémoire est de créer une base de données à l'étude des maladies fongiques chez les blés

Ce mémoire se divise en 3 chapitres :

Le premier chapitre : constitue une synthèse bibliographique, d'où il présente les différents modèles biologiques de l'espèce de *triticum* pour étudier les gènes de résistance des maladies du blé

Le deuxième chapitre : décrit le matériel et les méthodes ayant été utilisés dans ce mémoire. Il présente les bases de données, la banque de données et les logiciels.

Le dernier chapitre : Le mémoire est achevé, par la présentation, l'interprétation des résultats, et la conclusion et des perspectives.

Chapitre I :
Revue
Bibliographique

I .1. Les céréales:

Les céréales sont une famille de plantes monocotylédones de l'ordre des Poales, qui comprend environ 12 000 espèces groupées en 780 genres, à répartition cosmopolite. C'est, par le nombre d'espèces, la cinquième famille de plantes à fleurs, après les Asteraceae, Orchidaceae, Fabaceae et Rubiaceae (Otto wihelm Thomè .1885.Gera).

Les céréales sont une partie importante de notre alimentation, et certaines en dépendent quotidiennement ou presque quotidiennement, et les céréales peuvent être définies comme de petites graines dures et sèches qui poussent sur des herbes ressemblant à des plantes, et les céréales sont une source d'énergie essentielle , et les types les plus consommés sont le blé, le riz et le maïs.

I .2.Le blé :

Il est reconnu que le blé, le riz et le maïs constituent la base alimentaire des populations du globe. Durant le développement de la civilisation indo-européenne, le blé est devenu la principale céréale des peuples occidentaux sous climat tempéré (Yves et De buyser, 2001).

Le blé est l'une des premières plantes introduites en cultures, en raison de nombreux caractères favorables comme la facilité de stockage et de transport, ainsi que large zone de culture (Yves et De buyser, 2001).

Le croisement spontané du *Triticum monococum* sauvage et *Aegylop speltoides* est tout à fait vraisemblable puisqu'on rencontre ces deux plantes et *Triticum dicoccoides* dans la même aire géographique (Rosalind and Sears, 1967 ; Belaid, 1996).

Par contre, l'aire d'*Aegylops aquarrosa* est très nettement distincte de l'aire de *Triticum dicoccoides*. Le croisement entre ces plantes sauvages est impossible. Ces infestations peuvent être considérables. Il est donc tout à fait probable qu'un croisement ait eu lieu entre le blé dur cultivé et *Aegylops squarrosa* (Belaid, 1996).

I .2.1.Classification :

Le blé appartient à la famille des Poaceae (Graminée), cette famille végétale compte environ 2500 espèces répandues pratiquement sur toute la surface des continents. C'est un groupe remarquablement homogène et facile à reconnaître (Mosiniak et al., 2006).

D'après la classification phylogénétique de " l'Angiosperm Phylogeny Group III " (2009), le blé appartient au :

Tableau 1 : Classification du Blé (Anguek A. et Zellagui M., 2012).

Étage de classification	Nom
Sous-règne	Croismophyte
Embranchement	Spermaphytes
Sous- embranchemen	Angiospermes
Classe	Monocots
Ordre	Commeliniflorales
Sous- ordre	Poales
Famille	Poacées
Genre	Triticum

I .2.2.Importance du blé :

I .2.2.1.Dans le monde :

Les céréales, le blé en particulier occupe une place importante dans la production agricole et constitue la nourriture de base pour 35%de la production mondiale (Hamel, 2010). Le blé arrive juste derrière le riz et le maïs si l'on considère les tonnages produits (Jacquemin, 2012).

En Méditerranée, la France est le premier producteur de blé. En 1996, elle a produit 36 millions de tonnes. Elle a également enregistré les plus hauts rendements, avec 7 tonnes/ha. Des améliorations de rendements ont été obtenues un peu partout en Méditerranée et en Arabie Saoudite.

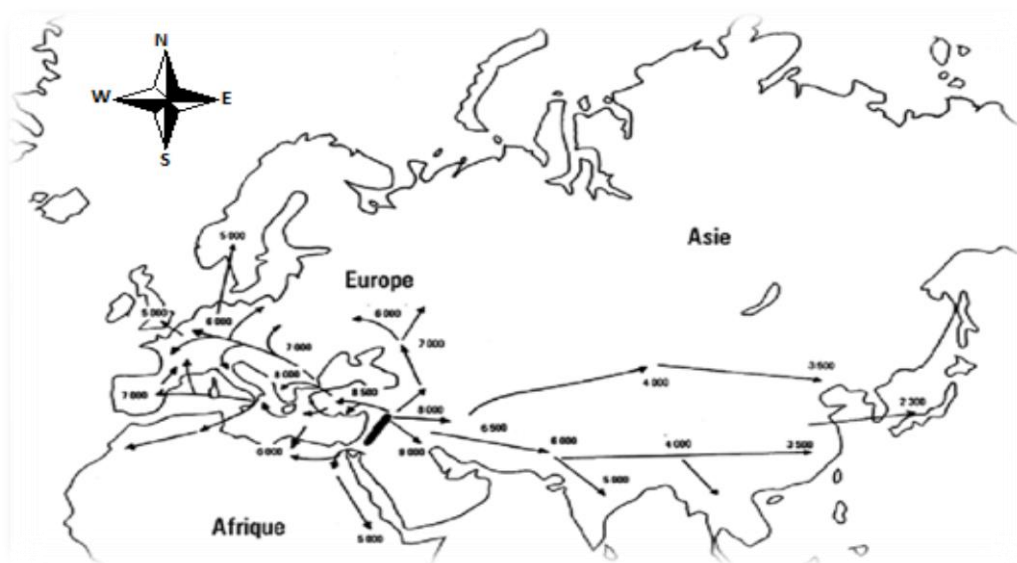


Figure 1:Carte de diffusion de la culture du blé-dates par rapport à aujourd'hui (Bonjean, 2001).

I.2.2.2.En Algérie:

Actuellement, l'Algérie est un grand importateur de blé et se trouve dépendante du marché international. Cette situation risque de se prolonger à plusieurs années, faute de rendements insuffisants et des besoins de consommation sans cesse croissants devant une forte évolution démographique (Nadjem, 2012).

I.2.3.Cycle biologique:

Le cycle de vie du blé comporte deux phases : une phase végétative (germination, pré-tallage et tallage) et une phase reproductrice (redressement, montaison, épisaison, floraison et maturation).

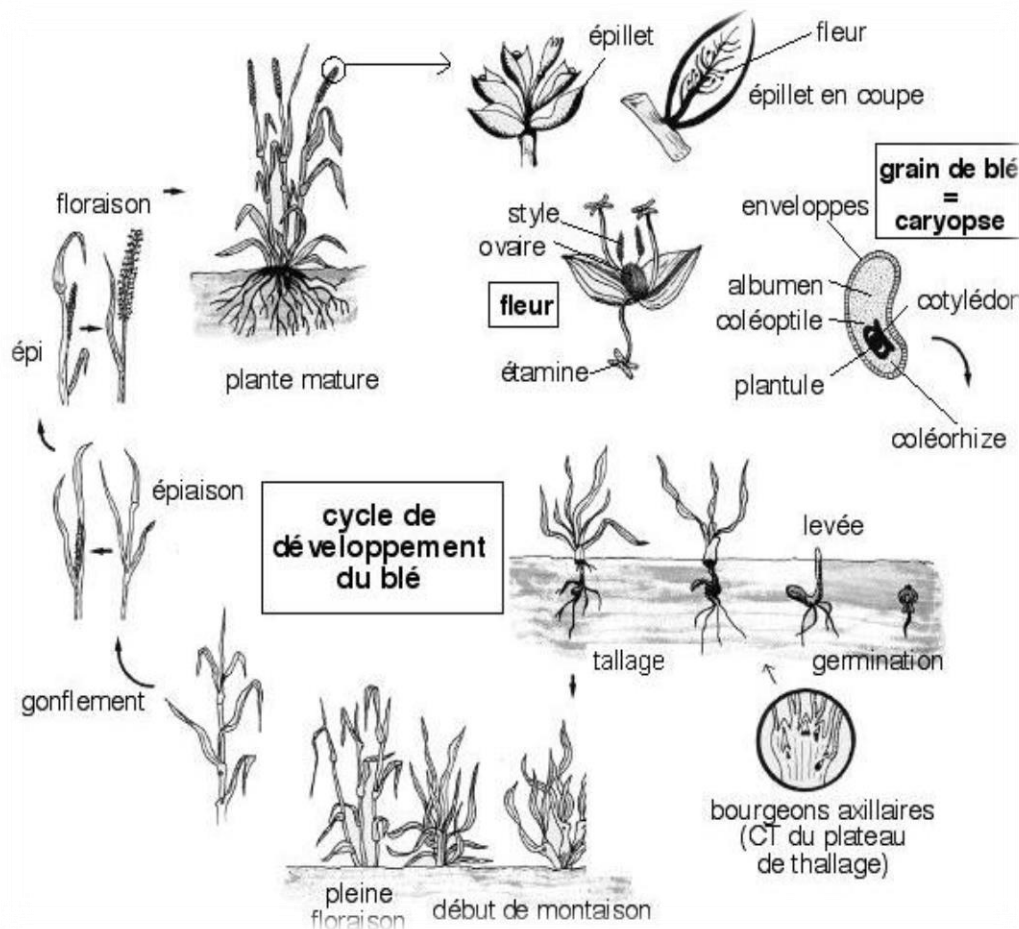


Figure 2 : Cycle biologique du blé.

I.2.4.Origine génétique :

Le blé est une monocotylédone appartenant au genre *Triticum*, trois groupes de *Triticum* sont connus, répartis selon le nombre de leurs chromosomes.

- Le groupe diploïde ($2x7$ chromosomes) comprend *Triticum monococcum* (en grain) et *T. Spontaneum* qui font partie des formes les plus anciennement cultivées caractérisées par des épis grêles ou les grains restant enveloppés par les glumelles.

- Le groupe tétraploïde (4x7chromosomes) comprend *T.dicoccoides* (amidonnier sauvages), *T. dicoccum* (amidonnier), *T.turgidum* et *T.durum* (blé dur) à épis denses dont les grains riches en gluten servent à fabriquer les pâtes alimentaires.
- Le groupe hexaploïde (6x7chromosomes) représenté par *T.vulgare* ou *T.aestivum* (blé tendre et *T.spelta* (épeautre), comprend la majorité des blés à épis assez larges et aux graines riches en amidon nécessaires à la fabrication du pain. (Lesage, 2011).

I.2.5.Caractéristiques morphologiques :

- **Le grain** : Le fruit des graminées est un caryopse ; fruit sec indéhiscant à maturité. (Morsli, 2010).
- **Appareil végétatif** : Le système aérien de la plante se développe en produisant un certain nombre de tiges, qui se développent en tiges cylindriques formées par des nœuds séparés par des entre-nœuds. Chaque tige porte à son extrémité une inflorescence en épi composé. Deux systèmes racinaires se forment au cours de développement :
 - Un système primaire** : se sont des racines séminales qui fonctionnent de la germination au tallage.
 - Un système secondaire** : de type fasciculé, les racines partent des nœuds les plus bas et sont presque toutes au même niveau. (Lesage, 2011).
- **Appareil reproducteur** : Les fleurs sont groupées en inflorescence de type « épi composé », chacune est composée d'unités morphologiques de base ; les épillets. Le blé dur, le blé tendre et l'orge sont des plantes autogames ou à autofécondation. (Morsli, 2010).

I.3.Les maladies fongiques chez le blé :

I.3.1.Généralités sur les maladies:

Le concept de maladie se rapporte aux anomalies observées par rapport au phénotype attendu. (Lepoivre, 2003). Lorsqu'un agent pathogène entre en contact avec une plante dans des conditions d'environnement favorables à l'infection débute le dialogue moléculaire entre l'hôte et le parasite dont l'issue va définir le type de relation (sensibilité ou résistance) qui s'établit entre les deux protagonistes (Lepoivre, 2003).

I.3.2.Les maladies fongiques:

Une maladie cryptogamique, ou maladie fongique est une maladie causée à une plante par un champignon ou un autre organisme filamenteux parasite. Lorsque c'est un animal qui est atteint, on parle plutôt de mycose.

I.3.3. Les principales maladies fongiques du blé:

Les maladies fongiques affectant le blé peuvent être regroupées selon les symptômes qu'elles induisent et les parties de la plante affectées. Parmi les principales maladies fongiques, la fusariose de l'épi constitue une vraie menace pour la culture du blé. Le tableau 3 représente les autres maladies fongiques qui peuvent affecter la culture du blé et qui ont été signalées.

Tableau 2: Les principales maladies fongiques du blé (Aouali et Douici-Khalfi 2009 ; INPV, 2011).

Organes attequés	Nom de la maladie	Agents causaux
Feuilles	Rouillebrune (Wheat leaf rust)	<i>Puccinia recondita</i> f.sp. <i>tritici</i> (Erikss. & E. Henn.) D.M. Henderson
	Rouille noire (Wheat stem rust)	<i>Puccinia graminis</i> Pers. f.sp. <i>tritici</i> Erikss. & E. Henn.
	Rouillejaune (Wheat stripe rust)	<i>Puccinia striiformis</i> Westend. f.sp. <i>tritici</i> Erikss.
	Tache septorienne de blé (Septoria tritici leaf blotch)	<i>Mycosphaerella graminicola</i> (Fuckel) J. Schröt. in Cohn (<i>Septoria tritici</i> Berk. & M.A. Curtis)
	Oïdium (Powdery mildew)	<i>Blumeria graminis</i> (DC.) Speer f. sp. <i>tritici</i> É.J. Marchal.
Epis	Carie commune (Common bunt)	<i>Tilletia caries</i> (DC.) Tul. & C. Tul. <i>Tilletia laevis</i> J.G. Kühn
	Charbon nu (loose smut)	<i>Ustilago tritici</i> (Pers.) Rostr.
Pied	Pietin échaudage (Take-all)	<i>Gaeumannomyces graminis</i> (Sacc.) Arx & Olivieri var <i>tritici</i> Walker

I.3.4. Maladies causant des symptômes localisés sur le feuillage:

I.3.4.1. Les septorioses du blé:

➤ **Description de la maladie :**

Une maladie qui touche essentiellement le blé, et occasionnellement le seigle, le triticale et certaines espèces de graminées. [1] La septoriose du blé est causée par deux champignons imparfaits, *Septoriatritici* Rob. Ex Desm., forme parfaite *Mycosphaerella graminicola* (Fuckel) Schroeter) et *Stagono sporanodorum* (Berk.) Castellani & E.G. Germano (forme parfaite *Phaeosphaeriano dorum* (E.Müll.) Hedjar.), qui diffèrent par les symptômes et la biologie (EYAL *et al.* 1987 Cité in Hennouni, 2012).

➤ **Agent causal : *Septoriatritici/ Mycosphae relagraminicola*:**

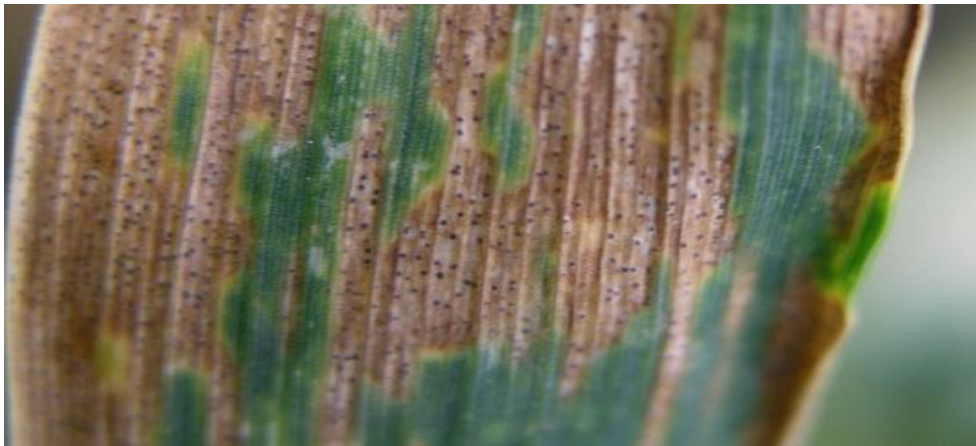


Figure 3: Feuille de blé infectée par la septoriose (*S tritici*) [2].

I.3.4.2. Les rouilles :

➤ **Description :**

Selon Anonyme (2013), trois espèces de rouilles s'attaquent au blé :

I -3-4-2-1-Rouille brune

La rouille brune peut donc surprendre et causé des dégâts importants. L'agent causal est *Puccinia recondita*. Les symptômes sous forme de petites pustules circulaires ou ovales, de couleur orange ou brune (urédospores), apparaissent sur la face supérieure et parfois sur la face inférieure des feuilles .

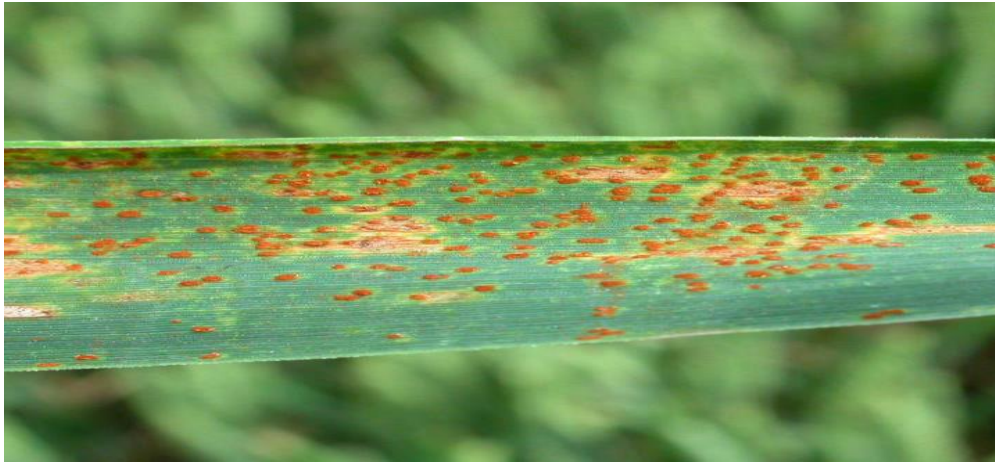


Figure 4 : Symptômes de la rouille brune due à *Puccinia triticina* [3].

I .3.4.2.2.Rouille jaune :

L'agent causal de la rouille jaune du blé, *Puccinia striiformis* est un champignon basidiomycète. Observer des symptômes de rouille jaune sur les repousses n'est pas chose facile (Anonyme, 2009).

On observe Les symptômes apparaissent sous forme de pustules globuleuses, de couleur jaune ou orange disposées en stries le long des nervures des feuilles d'où le nom de l'espèce .

Elles peuvent aussi se développer sur la face inférieure des feuilles et sur les épis et les grains (Anonyme, 2013).



Figure 5: Feuille de blé infectée par la rouille jaune *Puccinia striiformis*. [4]

I.3.4.2.3.Rouille noire ou rouille des tiges :

L'agent causal est *Puccinia graminis*f.sp. *tritici*, cette maladie du blé a pour symptômes des pustules sporulées de couleur brune qui apparaissent sous forme de noire.



Figure 6 : Tige du blé infectée par la rouille noire *Puccinia graminis*f.sp.*tritici* [5]

I.3.4.3.L'oïdium du blé :

➤ Description et préjudice :

Les souches d'oïdium qui attaquent le blé ne sont pas les mêmes que celles s'installant sur d'autres cultures. La nuisibilité à l'oïdium est beaucoup plus faible que celle de la septoriose et aux rouilles, et les pertes engendrées sont de l'ordre de 0 à 10 quintaux/ha en blé. L'oïdium est une maladie non transmissible par la semence. (Anonyme, 2009).

L'agent causal de l'oïdium, *Erysiphe graminis*f.sp. *tritici* est un champignon ascomycète. Les premiers symptômes apparaissent sous forme d'un duvet blanchâtre ou gris pâle sur les limbes des feuilles basales, puis se développent sur les feuilles des étages supérieurs. Les cléistothèces constituent la forme de conservation de l'agent pathogène. En cas d'attaque sévère les taches apparaissent aussi sur les gaines des feuilles et les glumes des épis. (Anonyme, 2013).

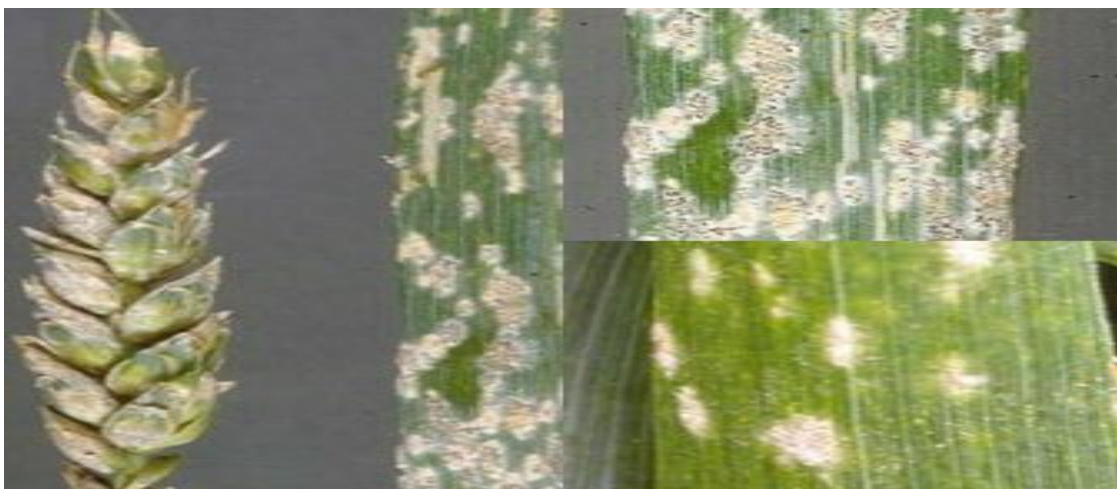


Figure 7: L'oïdium sur épi et feuille de blé [6]

1.3.4.3. La tache auréolée du blé :

➤ Description et préjudice :

La maladie n'avait qu'une faible importance jusqu'à présente. L'augmentation du semis direct et du travail du sol sans charrue créent des conditions favorables à la diffusion de la maladie.

Cette maladie est causée par *Pyrenophora tritici-repentis*. Ce sont des taches brunes de formes ovales entourées d'une auréole jaune. Un point brun foncé est souvent présent au centre de la tâche. Avec le développement de la maladie, elles coalescent pour former des étendues nécrotiques sur les feuilles (Sutton, 1990).

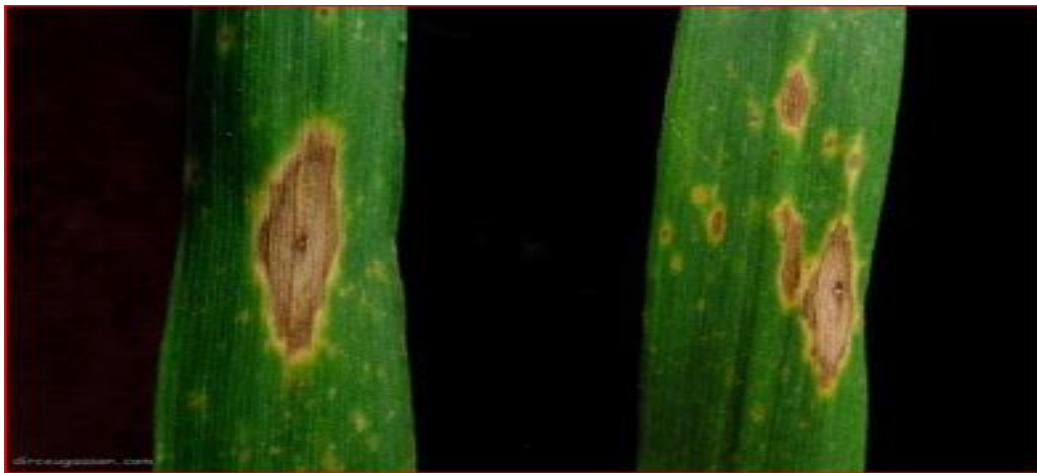


Figure 8 : Feuille du blé infectée par la tache auréolée *Pyrenophora tritici-repentis* [7]

I .3.5.Maladies causant des symptômes sur les épis :

1.3.5.1. Le charbon nu du blé :

➤ Description et préjudices :

Cette maladie est causée par le champignon *Ustilago tritici*, qui sévit partout où l'on cultive du blé, Les symptômes de la maladie ne se manifestent que chez l'épi; les autres parties de la plante malade conservent une apparence normal. L'émergence des épis malades n'accuse aucun retard sur le des épis sains et la masse pulvérulente de spores brun foncé remplace la totalité de leurs parties, à l'exception de la tige centrale.

(Anonyme, 1984).



Figure 9 : Charbon nu du blé *Ustilago tritici*. [8]

1.3.5.2. La carie commune du blé:

➤ Description et préjudices :

L'agent pathogène responsable de cette maladie *Tilletia caries*. Les symptômes apparaissent au stade de remplissage du grain, le contenu de celui-ci est transformé en une masse poudreuse noire. Parmi les signes indiquant la présence d'épis cariés au niveau d'un champ au moment de remplissage du grain on cite : la couleur vert foncé des glumes et des glumelles, l'écartement des épillets du rachis, les plants infestés sont souvent plus courts que les plants sains et de couleur plus foncée. La carie est une maladie transmise par la semence. (Anonyme, 2009).



Figure 10: L'épi du blé carié [9].

I.4. La bioinformatique

I.4.1. Définition la bioinformatique

La bioinformatique est une discipline émergente de la recherche qui se place à l'interface de la biologie et de l'informatique (Jongeneel, 2000).

Un domaine de recherche qui analyse et interprète des données biologiques ,au moyen de méthodes informatique ,afin de créer de nouvelles connaissances en biologiques .en anglais : distinction entre « Bioinformatics » et «Computational Biology »« Bioinformatics».

Développer des modèles mathématiques et outils associés pour résoudre des problèmes biologiques(**Bonsai ; 2014**).

L'approche in silico de la biologie comprend trois activités principales :

1-Acquisition et organisation des données biologiques.

2-Conception de logiciels pour l'analyse, la comparaison et la modélisation des données.

3-Analyse des résultats réduits par les logiciels Lors de sa création, la bioinformatique correspondait à l'utilisation de l'informatique pour stocker et analyser les données de la biologie moléculaire(**Isabelle Quinkal ;2014**).

I .4.2.Base et banque de données:

➤ **Base de données :**

Une base de données est un ensemble structure et organise permettant le stockage de grandes quantités d'informations afin d'en faciliter leur utilisation (ajout, mise ajoure, recherche et éventuellement analyse dans les systèmes).

➤ **Banque de données :**

Ensemble de données relatif à un domaine défini de connaissances et organisé pour être offert aux consultations d'utilisateurs.

I .4.3.Les domaines de la bioinformatique:

Lors de ces dernières décennies, le volume connu de données biologique a grandi de manière exponentielle. Ce qui introduit plusieurs domaines de recherche en bioinformatique. Dans ce qui suit nous avons cité quelques-uns.

I .4.3.1.Phylogénies:

Toutes les espèces sur terre subissent un changement lent de leurs traits héréditaires au cours d'évolution. Le but de la phylogénie est de comprendre les relations de parenté et de retracer l'historique évolutif d'un gène, d'une famille de gènes, d'une espèce ou de différentes espèces. Les arbres phylogénétiques sont une très bonne manière de schématiser et d'appréhender ces relations rapidement (Arpad, K., Ajith, A. et Yuehui, C. 2008).

I.4.3.2.L'annotation du génome :

Annotation précise des séquences du génome est la première étape importante dans l'analyse du génome. En général, l'annotation consiste à fixer d'une manière exhaustive des informations aux séquences biologiques. En effet, l'annotation d'un génome est l'attribution à chaque gène sa fonction au sein d'une cellule. Dont l'objectif est d'obtenir une liste de gènes associés à leur fonction pour un organisme donné de cette manière nous pouvons comprendre le fonctionnement d'un organisme dans sa globalité. Dans ce contexte, la bioinformatique vise à annoter tous les génomes séquencés soit le génome humain ou les génomes des autres individus(.David, W.-M.2004).

I.4.3.3.L'analyse et la comparaison des séquences :

Des séquences de nucléotides proches ont très probablement des rôles proches. Par exemple, si la séquence d'un gène A ressemblé fortement à la séquence d'un gène B, alors séquence de la protéine codée par A sera très proche de la séquence de la protéine codée par B. Les deux protéines adopteront donc une structure tridimensionnelle proche et auront donc une fonction semblable. Des conclusions fonctionnelles peuvent donc être tirées suite à la comparaison de séquences nucléotidiques ou même protéiques. La comparaison est un outil de base en bioinformatique(Khalid, R. (2010). **Application of Data Mining**).

I .4.3.4.L'analyse de données d'expression génique:

Les puces à ADN c'est une technique à haut débit qui permet d'obtenir l'expression des milliers des gènes simultanément. L'analyse de ces données permet d'extraire les gènes exprimés différemment qui sont classés comme des biomarqueurs et utilisés pour diagnostiquer les maladies. Une variété des techniques informatiques ont été utilisées pour analyser ces données, les plus connues sont les techniques d'apprentissage automatique : le clustering et la classification. Dans ce contexte les bioinformaticiens continuent de développer des approches spécialisés et des algorithmes pour gérer ces données(Khalid, R. (2010).

I .4.3.5.La conception / la découverte de médicaments (Drug Design):

Les progrès récents dans la conception de médicament conduits à créer de nouvelles technologies puissantes qui sont une composante importante dans la bioinformatique. L'une des principales difficultés dans l'utilisation de ces technologies est leur exigence d'une expertise interdisciplinaire dans les sciences physiques, les sciences de la vie, et /ou en informatique. L'identification des gènes anormaux qui causent les maladies après une

expérience d'expression génique est au cœur du processus de découverte du médicament.(Arpad, K., Ajith, A. et Yuehui, C. 2008).

I.4.3.6.Analyse de l'expression des protéines:

L'expression des protéines est l'un des meilleurs indices de l'activité des gènes actuelle puisque les protéines sont généralement catalyseurs finaux de l'activité des cellules. Les puces à protéine peuvent fournir un aperçu des protéines présentes dans un échantillon biologique. La bioinformatique est très impliquée dans l'interprétation des données (extraction des connaissances à partir des données) de puces à protéine afin de découvrir des biomarqueurs liés à certaines maladies (Giorgio, V. 2011).

I .5. Technologie Web:

On appelle « Web » (ce qui signifie en anglais «toile»), abréviation de «World Wide Web» un système d'information hypermédia, constitué de documents multimédia (pages de textes enrichies de sons, graphiques, images fixes et animées, vidéos...) qui sont reliés entre eux par des liens Hypertextes.

I .5.1.Les termes rattachés au Web:

Le web contient plusieurs termes :

- **Une page web** : document écrit en langage HTML et pouvant contenir des liens vers d'autres ressources (images, musique, etc.) et vers d'autres pages (hyperlien).
- **Documents multimédia** : image, vidéo.
- **Services web** : programme qui s'exécute en réponse à une requête HTTP.
- **Http** : « HyperText Transfer Protocol » est le protocole de communication client serveur utilisé pour transférer les ressources du web, et la variante sécurisée de ce protocole est Https
- **HTML** : « HyperText Mark up Langage » permet de créer des pages web. C'est le langage informatique interprété dans les navigateurs web. Il représente ensemble des règles et des commandes d'affichage afin de définir un document pouvant être intégré à un site Web.
- **Navigateur web** : (Browser) Un Logiciel pour visionner et interagir avec les informations sur le World Wide Web, capable d'interpréter des codes HTML, CSS...etc. Exemple de navigateurs web : Mozilla Firefox, Google Chrome, opéra,
- **URL** : Adresse d'une ressource sur le réseau Internet. Elle est formée du protocole à utiliser, du nom de domaine concernant le serveur où se trouve la ressource, du chemin d'accès et du nom local de la ressource.

- **Un hyperlien** : Un élément ou un texte dans un document permettant la navigation, et mettant en liaison des pages avec d'autres pages et ressources.

I.5.2.Les sites web:

Ensemble structuré de pages Web reliées d'une manière cohérente, résidant sur un même serveur, appartenant à une entreprise ou à un particulier, et dont l'adresse Internet est celle de sa page d'accueil.

I.5.3.Application Web:

C'est un programme s'exécutant dans un navigateur web, consultable en ligne, pour accéder à l'application il faut cependant avoir une connexion à Internet et un navigateur web. Une application web peut être un jeu, un logiciel de traitement de données, un moteur de recherche, un système de gestion des contenus, une boutique en ligne. (**KHALLEF. A**)

Chapitre II : Matériels et Méthodes

I. Matériels :

La base de données MIGREW:

La base de données MIGREW est une interface Web rassemblant des informations sur les interactions champignon-blé qui mise à la disponibilité des sélectionneurs et des phytopathologistes. Elle contient des données sur l'immunité et les gènes de résistance chez des variétés de blé et des lignées de sélection, leur localisation chromosomique, leurs marqueurs moléculaires; les protocoles de marquage, l'efficacité des gènes de résistance.

MASWheat:

C'est une interface Web qui fournit une liste complète de protocoles pour plus de 40 marqueurs moléculaires pour les gènes de résistance chez le blé

GENBANK :

C'est une base de données créée en 1982 par la société IntelliGenetics et diffusée maintenant par le NCBI (National Center for Biotechnology Information, Los Alamos, US) elle contient toutes les séquences nucléotidiques publiquement disponible et leur traduction protéines.

PRIMER 3:

Primer3Web est une interface Web simple pour primer3 et est un outil en ligne de commande permettant de sélectionner des amorces pour la réaction en chaîne par polymérase (PCR).

Access 2007 :

Microsoft **Access** (officiellement Microsoft Office **Access**) est une base de données relationnelle éditée par Microsoft. ... Ce logiciel fait partie de la suite Microsoft Office et est un Base de données relationnelle, on a créé ce base après assemblée et classiez les données.

HTML (HyperText Markup Language) :

C'est est un format de structuration de données permettant de créer des pages web pouvant être lues et présentées dans des navigateurs Web.

CSS :

C'est l'acronyme de Cascading Style Sheet, est un langage de conception simple destiné à simplifier le processus de présentation des pages Web, donc utilisé sur l'internet pour mettre en forme les fichiers HTML.

JavaScript:

C'est un langage informatique utilisé sur les pages web. Ce langage a la particularité de s'activer sur le poste client, en d'autres mots c'est votre ordinateur qui va recevoir le code et qui devra l'exécuter. C'est en opposition à d'autres langages qui sont activés côté serveur.

Visual Studio Code:

C'est un éditeur de code open-source développé par Microsoft supportant un très grand nombre de langages grâce à des extensions. Il supporte l'auto complétion, la coloration syntaxique, le débogage, et les commandes git.

Node.JS:

C'est une plateforme de développement JavaScript intégrant un serveur HTTP. Son fonctionnement se base sur une boucle événementielle qui lui permet le support de fortes montées en charge.

II. Méthodes :

II. 1. Collecte des données:

Pour choisir des gènes à travers l'étude scientifique que nous avons menée, la Base de données MIGREW son objectif principal est d'augmenter le potentiel de la sélection du blé pour l'immunité contre la rouille et l'oïdium. MIGREW se concentre également sur l'efficacité des gènes de résistance du blé dans différentes régions pour rendre la base de données plus pertinente face à l'évolution rapide de la démographie des agents pathogènes.

The screenshot shows the article page for 'MIGREW: database on molecular identification of genes for resistance in wheat' on the BMC Bioinformatics website. The article is from 2019, volume 20, supplement 1, page 36. The authors listed are Fedor V. Kazantsev, Ekaterina S. Skolotneva, Vasilij N. Kelbin, Elena A. Salina, and Sergey A. Lashin. The page includes a 'Formats' section with options for Article, PubReader, ePub (beta), PDF (4.7M), and Cite. There is a 'Share' section with Facebook, Twitter, and Google+ icons. A 'Save items' section has an 'Add to Favorites' button. A 'Similar articles in PubMed' section lists related research papers. The abstract section is partially visible at the bottom.

Figure 11 : Interface de MIGREW.

A partir de la base de donnée MIGREW, nous avons trouvé un site MASWheat fournit une longue liste de protocoles pour plus de 40 marqueurs moléculaires pour les gènes de résistance chez le blé.

The screenshot shows the homepage of the MASWheat website. The header features the MASWheat logo and the tagline 'Marker Assisted Selection in Wheat', along with logos for USDA, NIFA, and BGRI. The navigation menu includes 'DOMICILE', 'PROTOCOLES', and 'NOUVELLES'. A large banner image of wheat stalks has the text 'À propos de MASwheat'. A 'Nouvelles' section features a news item titled 'Soixante cinq protocoles et ça compte !' dated 20 juillet 2020. At the bottom, there are several small thumbnail images and text boxes related to KASP markers and wheat varieties.

Figure 12 : Interface de MASWheat.

On trouve une liste de protocoles contenant les maladies suivantes:

- Gènes de résistance à la rouille des tiges: il ya 28 gènes.
- Gènes de résistance à la rouille rayée: il ya 16 gènes.
- Gènes de résistance à la rouille des feuilles: il ya 15gènes.
- Résistance à la brûlure de l'épi fusarienne: il ya un seul gène

The screenshot shows the MASWheat website interface. At the top, there are navigation links: DOMICILE, PROTOCOLES, and NOUVELLES. A search icon is visible in the top right corner. The main content area is titled 'Protocoles' and is divided into two sections:

- La liste complète des protocoles disponibles sur MASWheat**: This section lists four categories of protocols:
 - Gènes de résistance à la rouille des tiges
 - Gènes de résistance à la rouille rayée
 - Gènes de résistance à la rouille des feuilles
 - Caractéristiques de rendement et de qualité
 - Résistance à la brûlure de l'épi fusarienne
- Contenu récent**: This section lists three recent articles:
 - Teneur en amylose (amidon résistant) - il y a 3 heures 22 minutes
 - Gène de résistance à la rouille des feuilles Lr22a - Il y a 2 semaines
 - Gènes de résistance à la rouille des feuilles - Il y a 2 semaines
 - Gène de résistance à la rouille des tiges Sr13 - il y a 1 mois 2 semaines

Figure 13 : La liste complète des protocoles disponibles sur MASWheat.

dans cette site il ya des marqueurs spécifiques de chaque gène.

chaque maladies on trouve un certain nombre des gènes résistance pour utiliser dans le recherche GENBANK et extrait séquence Cds. mettez-le dans PRIMER 3 plus qui nous a amené à savoir amorce et la taille de séquence et température d'hybridation

The screenshot shows the NCBI GenBank search results for 'Sr13 triticum'. The search bar at the top contains 'Sr13 triticum' and a search button. Below the search bar, there is a 'COVID-19 Information' banner. The main results section shows a list of 13 items, with the first four items displayed:

- [Triticum dicoccon haplotype S9 Sr13 \(Sr13\).gene_complete.cds](#)
1. 3,530 bp linear DNA
Accession: KY825234.1 GI: 1246952086
[Protein](#) [Taxonomy](#)
[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)
- [Triticum dicoccon haplotype S8 Sr13 \(Sr13\).gene_complete.cds](#)
2. 3,723 bp linear DNA
Accession: KY825233.1 GI: 1246952084
[Protein](#) [Taxonomy](#)
[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)
- [Triticum dicoccon haplotype S10 Sr13 \(Sr13\).gene_complete.cds](#)
3. 3,516 bp linear DNA
Accession: KY825235.1 GI: 1246952082
[Protein](#) [Taxonomy](#)
[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)
- [Triticum dicoccon haplotype S7 Sr13 \(Sr13\).gene_complete.cds](#)
4. 3,513 bp linear DNA

On the right side of the results, there are several panels: 'Results by taxon' showing top organisms (Triticum dicoccon (6), Triticum turgidum subsp. durum (5), Triticum aestivum (2)), 'Analyze these sequences' with a 'Run BLAST' button, 'Find related data' with a 'Database' dropdown and a 'Find items' button, and 'Search details' showing the search criteria: 'Sr13[All Fields] AND ("Triticum" [Organism] OR triticum[All Fields])'.

Figure 14 : Interface de GENBANK

mettez la séquence Cds dans PRIMER 3 plus qui nous a amené à amorce gauche et amorce adroit.

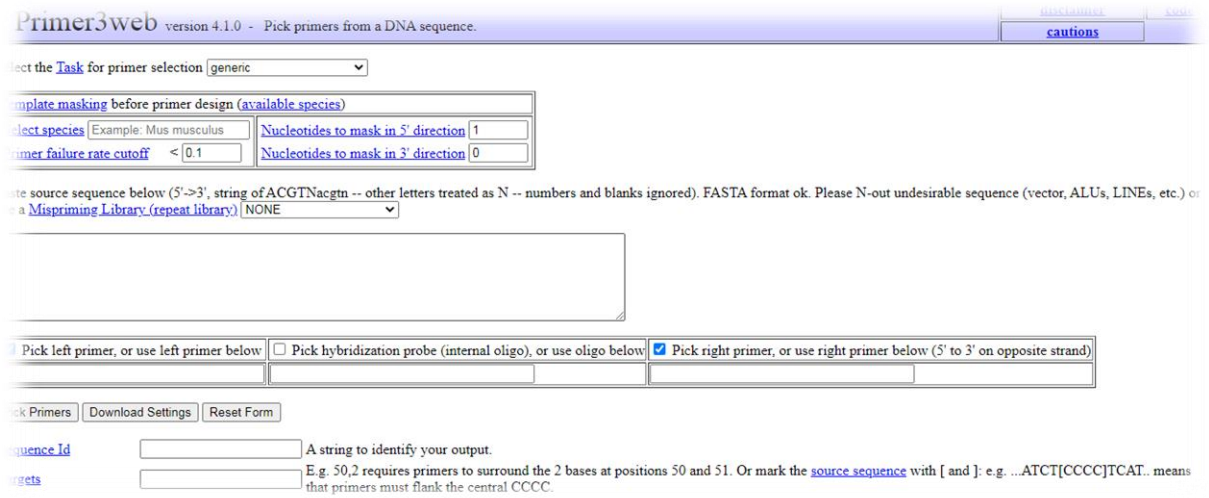


Figure 15 : Interface de Primer3web.

Certain gènes que nous n'avons pas trouvé GENBANK et nous l'avant recherché dans les articles.

II. 2.La basse de données en ACCESS :

On a utilisé Access pour assembler les informations sur chaque gène.

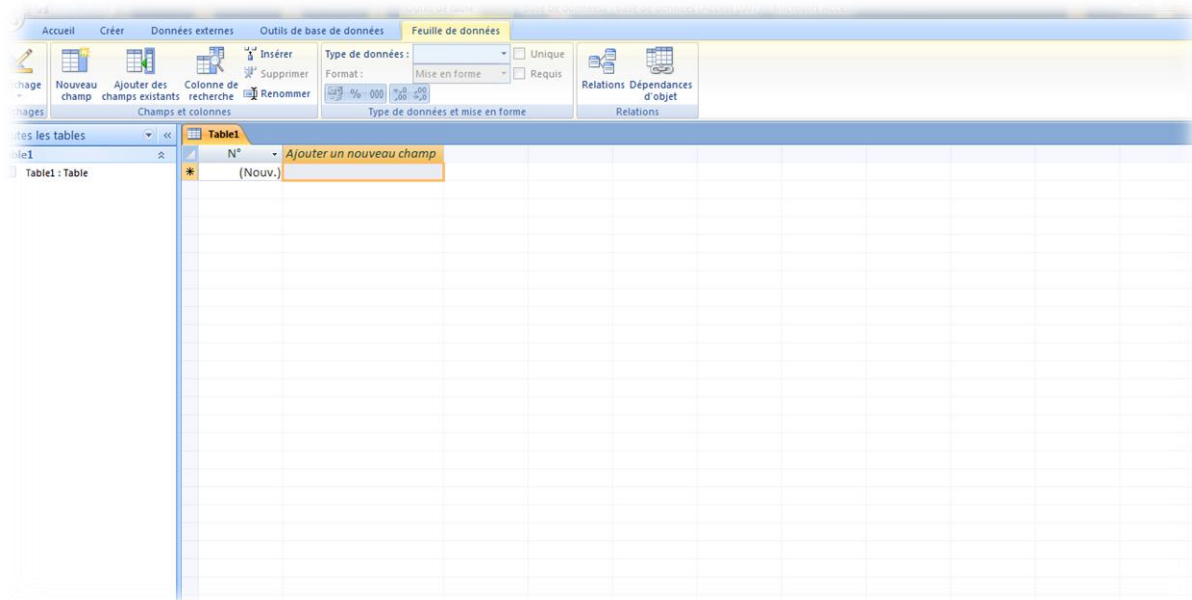


Figure 16 : Interface de l'Access 2007

Création des tables :

Chaque maladies plusieurs gène a des enregistrements code gène, nom de gène, savoir (gène, code gènes, nombre Cds, amorce gauche et amorce droite ,taille de séquence, température, séquence Cds, marqueur).

On a ouvert fichier texte pour mettre séquence Cds et les marqueur.

N°	gene	code	cds number	primer left	primer right	sequence si	temperatur	markers anc
1	Sr13	KY825229.1	1..833,1409..33	@(1)	GTGGCCCTGT GGCAATCTCT	3513	58,975 °C	
2	Sr21	MG601526.1	1..304,563..310	@(1)	TCTTGTCTCTC AGCTCTCTCTC	5208	59,005°C	
3	Sr22	MH546067.1	1..2823	@(0)	CCGAAGATAG CTCTTGAAAGC	2823	58,975°C	
4	Sr24	/	/	@(0)				
5	Sr25(RGA1-G)	KT725818.1	1..830,1723..37	@(0)	CGCATCTCTCC ACCCTGATATA	3727	59,002°C	
6	Sr26	MN531843.1	918..1729,4988	@(0)	CATGTTCTATG GTCCTAAGGTC	7246	58,90°C	
7	Sr28	KJ921782.1	1..423	@(0)	TGGGGAATGA/ CCACAAATTTCA	465	58,09°C	
8	Sr32	KC425089.1	115..975	@(0)	AACCCCTAGCTC CACCAAAGC/	1364	59,03°C	
9	Sr33	KF031303.1	130..950,2025..	@(0)	CACAACGGCTC TGCACGAGGA/	4639	58,96°C	
10	Sr35	KF113357.1	1..717	@(0)	GCCTCTCCAC TGGTAAGGCG/	834	58,875°C	
11	Sr36	MF741623.1	1..651	@(0)	CTCAGGTCATT AGTTCGCTCAG	651	58,91°C	
12	Sr38	/	/	@(0)				
13	Sr39	MF741528.1	1..681	@(0)	GTGTCAAGGTC GAAGACGAGC	681	59,10°C	
14	Sr43	AY566940.2	1..597	@(0)	CTTTGCCAG/ CATATTCGCCA	597	58,90°C	
15	Sr44	JX966520.1	1..1302	@(0)	TGCTAGATGTG GGAGCTCGTA/	1302	58,20°C	

Figure 17: création les tables des gènes

II. 3. Application web :

1.création de l’environnement de travail en Node JS.

- Choix de l’éditeur de texte : visual studio code
- Configuration et installation des packages nécessaire

```

"keywords": [],
"author": "",
"license": "ISC",
"devDependencies": {
  "body-parser": "^1.18.0",
  "ejs": "^3.1.6",
  "express": "^4.17.1",
  "node-adodb": "^5.0.3"
}
    
```

Figure18: présentation capture de l’environnement de travail en l Node JS.

- 2.Installation de **node-adodb** pour connecté la base de donnée (Access) avec node js
- 3.Création des pages HTML dans le dossier views

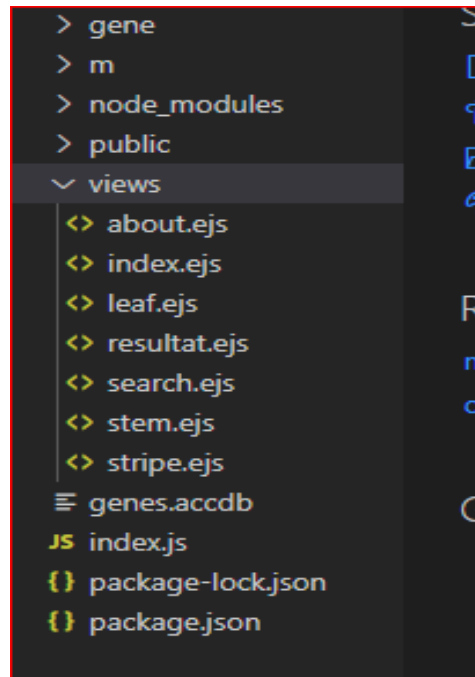


Figure19: présentation capture Création des pages HTML dans le dossier views.

4.Création du fichier CSS et JavaScript dans le dossier public, chaque page html est contrôlée par un fichier js.

5.les pages HTML créés sont :

- page index : représente la page d'accueil
- page about : qui est la page a propos
- page résultat : contient le résultat de la recherche effectuée par l'utilisateur
- page stem : pour les gène de la maladie STEM
- page : leaf pour les gènes de la maladie Leaf
- page : stripe pour les gènes de la maladie stripe

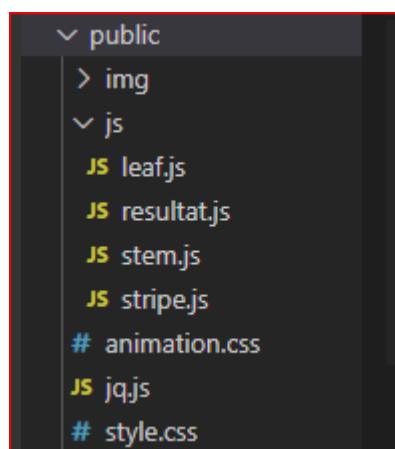
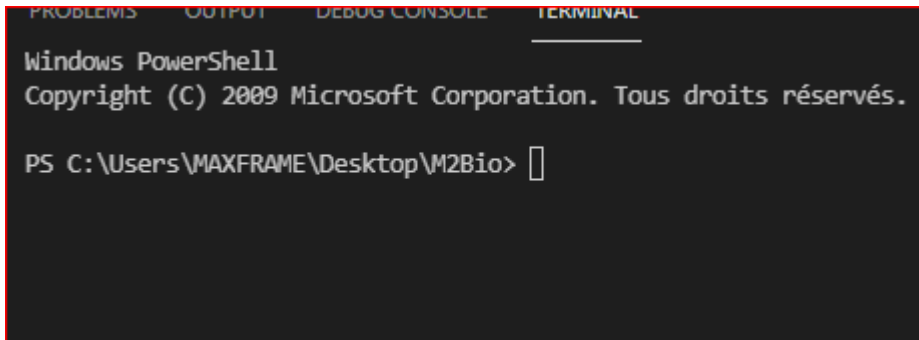


Figure20: présentation capture dossier public.

6. L'application renferme des dossiers contenant des fichiers des gènes ainsi que leur marqueurs.



```
PROBLEMS OUTPUT DEBUG CONSOLE TERMINAL
Windows PowerShell
Copyright (C) 2009 Microsoft Corporation. Tous droits réservés.

PS C:\Users\MAXFRAME\Desktop\M2Bio> 
```

Figure21: représentation capture de dossiers contenant des fichiers des gènes et marqueurs.

7. Pour exécuter l'application on lance la commande **node index** dans le terminal de VSCODE

Puis, on ouvre un navigateur web comme Chrome pour voir le résultat

L'utilisateur peut parcourir les pages citées auparavant, dans la page recherche, il peut choisir chaque maladie,

Le choix de la maladie ouvre une nouvelle page détaillant chaque gène de chaque maladie, la sélection d'un de ces gènes envoie une requête au serveur local (nodejs), puis récupère les données de la base Access et les renvoie à la page résultat qui les affiche.

Résultat et discussion

Résultat:

D'après cette recherche on a fait une application web pour les maladies fongiques chez le blé.

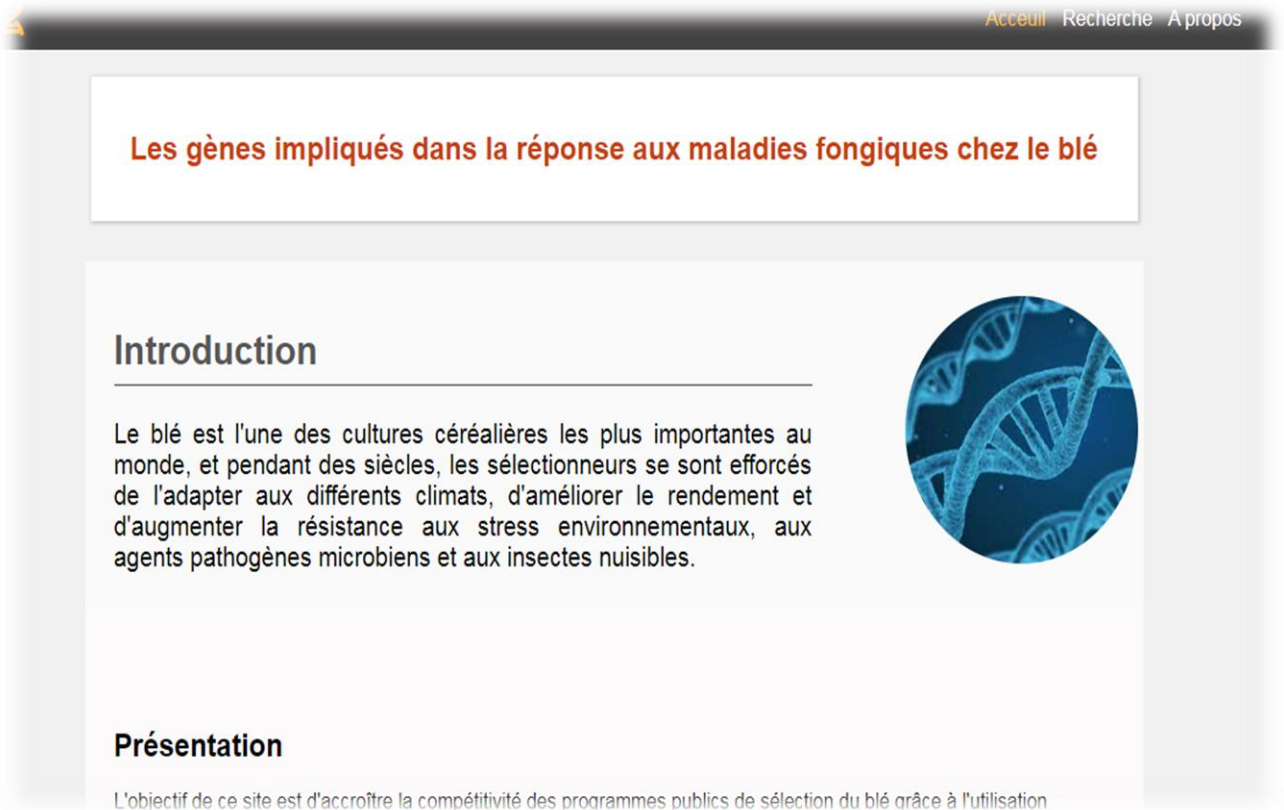


Figure 22: Interface application web.

On cette application contient toutes les informations concernant pour chaque maladie qui concerne le blé y'en à dans cette application 3 page principales :

- La première interface "Accueil" et cela contient les informations d'application introduction et présentation .
- La deuxième interface " Recherche" elle se contient des maladies fongiques chez le blé lorsque on appuie (maladie) il s'apparaît les gènes résistance et ses informations comme (Cds, code de gène et les marqueurs ...)



Figure23 :. Représentation capture des maladie



Figure 24: Représentation capture recherche des gènes.

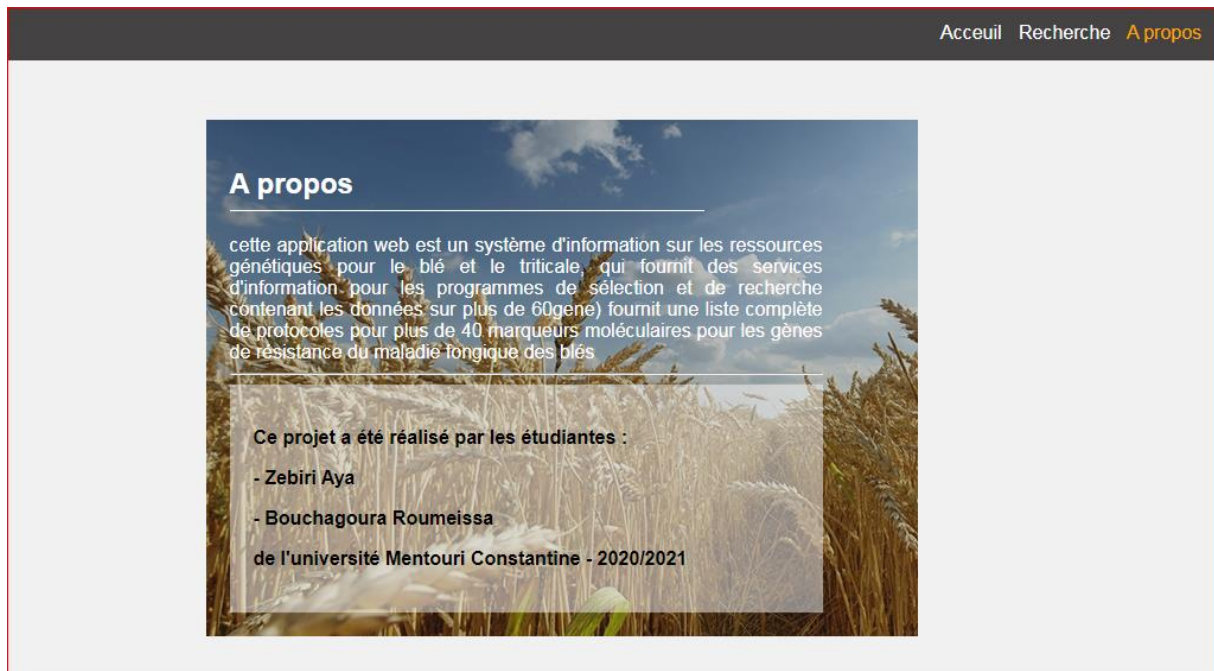


The screenshot shows a web interface with a dark header containing a logo and navigation links: 'Accueil', 'Recherche', and 'A propos'. The main content area is titled 'Résultat de la recherche :'. Below this title, a light gray box contains the following information:

- Gène : Sr13
- Code : KY825229.1
- Nombre CDS : 1..833,1409..3366,3458..3513
- Amorce Gauche : GTGGCCCTGTTTAAGTTGCA
- Amorce Droite : GGCAATCTTCTCGGAGCTG
- Taille de la séquence : 3513
- Température : 58 975 °C
- Séquence CDS :
- Marqueur :

Figure 25: Représentation capture information de gènes.

- La troisième interface "propos" cela se contient des informations de l'application web et nos informations persnnelles .



The screenshot shows a web interface with a dark header containing navigation links: 'Accueil', 'Recherche', and 'A propos'. The main content area features a background image of wheat. A white box with a dark border contains the following text:

A propos

cette application web est un système d'information sur les ressources génétiques pour le blé et le triticales, qui fournit des services d'information pour les programmes de sélection et de recherche contenant les données sur plus de 60gene) fournit une liste complète de protocoles pour plus de 40 marqueurs moléculaires pour les gènes de résistance du maladie fongique des blés

Ce projet a été réalisé par les étudiantes :

- Zebiri Aya
- Bouchagoura Roumeissa

de l'université Mentouri Constantine - 2020/2021

Figure26 : interface A propos.

discussion :

créé une base de donnée spécifique des maladie fongique chez les blé et les donné contient. les gènes résistance chaque gène classez les information comme Cds, code de gène, marqueur moléculaire et les amorces .cette base de donnée nous lié avec application web pour affichiez des maladies fongiques et nombre différent des gènes et quant cliqué à gène nous obtenir à les informations sur gène comme premier et séquence Cds et code gène donc cette site il permet aux chercheure végétatif d'extraire plus facilement des information gène résistance sur les maladies fongique chez le blé.

site web est accroitre la d'accroître la compétitivité des programmes publics de sélection du blé grâce à l'utilisation intensive des technologies de sélection modernes.

Conclusion

Nous avons créé une nouvelle application web qui permet aux chercheurs d'extraire plus facilement des informations sur la résistance des gènes aux maladies fongiques.

Dans le cadre de ce travail, nous avons extrait les gènes et les marqueurs Cds, séquencé la taille et les amorces grâce à diverses bases de données et les banques de données comme MIGRAW, MasWheat, GENBANK et Primer 3.

Par rapport à la base de données en Access, on a choisi des gènes pour chaque maladie et rempli et relié les tableaux avec le site web.

Comme perspective, nous souhaitons pour les prochains projets d'élargir notre travail par :

- L'identification de la fonction des gènes peut être déterminée à la combinaison de plusieurs approches expérimentales qu'elles soient analysées *in silico* ou bien analysées *in vivo* et *in vitro*.
- Études physiologiques et de la génomique fonctionnelle et faire d'autres programmes pour obtenir des résultats différents, afin d'avoir une idée plus claire sur son expression.

Références bibliographique

- Anonyme, (1984) :** les charbons du blé, de l'orge, de l'avoine et du seigle : 12P.
- Anonyme, (2009):** Guide des maladies des céréales. Chambre de l'agriculture, pays de la Loire : 25 p.
- Anonyme; (2013):** Recueil des principales maladies fongiques des céréales en Algérie : symptômes, développement et moyens de lutte, Edition : I.T.G.C. : 56 p.
- Anguek A. et Zellagui M., 2012:** Etude de l'antagonisme de *Trichoderma* sp vis-à-vis le *Fusarium* sp agent de la fusariose du blé en Algérie Mémoire en Microbiologie Université M'hamed Bougera Boumerdes
- Aouali, S. et Douici-Khalfi A. 2009:**Recueil des principales maladies fongiques des céréales en Algérie. ITGC. pp. 10–25.
- Arpad, K., Ajith, A. et Yuehui, C. (2008):** Computational Intelligence in Bioinformatics. Studies in Computational Intelligence, Volume 94, Springer.
- Belaid, D. (1996) :**Aspects de la céréaliculture Algérienne. Ed. Office des publications universitaires, Ben-Aknoun (Alger), 206 p.
- Bonjean A., 2001:** Histoire de la culture des céréales et en particulier de celle du blé tendre (*triticum aestivum L.*). Eds.le perchec S., Guy P. et Fraval A. Agriculture et biodiversité des plantes. Dossier de l'environnement de l'INRA, n°21, P 29-37.
- David, W.-M.(2004:** Bioinformatics: Sequence and genome analysis. Cold Spring HarborLaboratory Press.
- Giorgio, V. (2011):** Machine learning methods for gene/protein function prediction.University de gliStudi di Milano.
- Hamel L., 2010:** Appréciation de la variabilité génétique des blés durs et des blés apparentés par les marqueurs biochimiques. Thèse de Magister en génomique et techniques avancées des végétaux. Université Constantine 1. 83 pages.
- Hanouni, N, (2012):** Evaluation du métabolisme respiratoire et enzymatique des racines de blé dur (*Triticum durum Desf*) issue de plantes infectée par les maladies cryptogamique et des plantes traité avec un fongicides (ARTEA EC 330).Université : Badji Mokhtar Annaba. Thèse : Doctorat. Spécialité : biologie. Option : toxicologie cellulaire : 142p.

Jacquemin L., 2012: Production d'hémicelluloses de pailles et de sons de blé à une échelle pilote Étude des performances techniques et évaluation environnementale d'un agro procédé. Thèse de doctorat en Sciences des Agroressources. Institut National Polytechnique de Toulouse (INP Toulouse). 345 pages.

Jongeneel V., (2000): bioinformatique, Institut Suisse de bio-informatique. [En ligne]. Page consulté le 12.04.2015. Adresse URL : <<http://sic.epfl.ch/SA/publications/FI00/fi-10-00/10-00-page3.html>> <http://bioweb.pasteur.fr/> Logiciel pour la biologie, institut pasteur, paris consulté le 24-04-2014.

Khalid, R. (2010): Application of Data Mining In Bioinformatics. Indian Journal of Computer Science and Engineering .Vol 1 No 2, 114-118.

Khallef. A(2016): Conception et réalisation d'un système d'apprentissage en ligne avec personnalisation dynamique du parcours d'apprentissage Mémoire de fin d'étude Master en Informatique Université LARBI BEN M'HIDI page 5-10

Lepoivre, p., (2003):phytopathologie: bases molécule paires et biologiques des pathosystèmes et fondement des stratégies de lutte. Edition: les presses agronomiques de GEMBLoux:291-292 .

Lesage V, (2011): contribution fonctionnelle du gène majeur controlant la dureté, tendreté de l'albumen du grain de blé par l'étude de lignées d'auvergne (France).

Morsli L, (2010):Adaptation du blé dur (*triticum durum desf*) dans les conditions des hautes plaines Constantinoise doctorat université Constantine Algérie.

Mosiniak et al., 2006 :Etude de l'antagonisme de *Trichoderma* sp vis-à-vis le *Fusarium* sp agent de la fusariose du blé en Algérie Algérie Mémoire en Microbiologie Université M'hamed Bougera Boumerdes.

Nadjem Kamel, 2012:Contribution a l'étude des effets du semis direct sur l'efficience d'utilisation de l'eau et le comportement variétal de la culture de blé en région semi-aride. Thèse de Magister en Production Végétale et Agriculture de Conservation. Université Ferhat Abbas Sétif, 131 pages.

Sutton, J.C., (1990):Maladies des feuilles du blé d'automne. Université de Guelph; L.A. Hunt .fiche technique .Imprimeur de la Rein pour l'Ontario.

(yves et De buyser;2001): Mémoire Pépinière des principales maladies fongiques du blé dur dans la région de Constantine 25/06/2018

Sites Internet :

[1]Agent causal Septoriatritici

http://www.agro.basf.fr/agroportal/fr/fr/cultures/les_cereales/la_protection_phyto_du_ble/les_maladies_ravageurs_et_adventices/les_maladies/Oidium_1.html

[2] Feuille de blé infectée par la septoriose (*S tritici*):

http://www.agro.basf.fr/agroportal/fr/media/productcatalogue/pests/septoriose-septoriatritici-ble_2.jpg (Consulter le: 25/05/2015)

[3] Symptômes de la rouille brune due à *Pucciniatriticina*:

<http://www.google.fr/url?source=imglanding&ct=img&q=http://presse.basf-agro.fr/galerie/images/cereales/2013/septoriose-rouille-brune-sur-ble-1.jpg&sa=X&ei=a59wVeyUH8L6UIq7gMgN&ved=0CAkQ8wc&usg=AFQjCNGLcxBN89M-LJukanT1kB9d6W4WA> (Consulter le: 25/05/2015).

[4] Feuille de blé infectée par la rouille jaune *Puccinia striiformis*:

<http://www.google.fr/url?source=imglanding&ct=img&q=http://www3.syngenta.com/country/fr/SiteCollectionImages/Parasites/Datapro/rouille-jaune-2.jpg&sa=X&ei=C6BwVayKCYetU6GNg8AE&ved=0CAkQ8wc&usg=AFQjCNG4oJQVrKeJYR5hIyDOnG7UsFJnhQ> (Consulter le: 25/05/2015)

[5] Tige du blé infectée par la rouille noire *Puccinia graminis*f.sp.*tritici* :

http://www.google.fr/url?source=imglanding&ct=img&q=http://www.consostatic.com/wp-content/uploads/2011/06/ug99-pathogene-ble.jpg&sa=X&ei=fKBwVa_hFYG2UKKLgLAD&ved=0CAkQ8wc&usg=AFQjCNE-zmQFShXurSLGTDHQZekrHvG8CQ (Consulter le: 25/05/2015).

[6] oïdiumsur épi et feuillede blé:

<http://www.google.fr/url?source=imglanding&ct=img&q=http://www.agroforever.com/wp-content/uploads/2014/08/maladies-du-ble.jpg&sa=X&ei=76BwVfi-CYGtU5OmgdAC&ved=0CAkQ8wc4EQ&usg=AFQjCNFSfBTyQvdeA4VodjzVa3oxJkDw5A> (Consulter le: 25/05/2015).

[7] Feuille du blé infectée par la tache auréolée *Pyrenophoraitritici-repentis*:

http://www.dirceugassen.com/images/fotos/sgrd/drechslera%20tritici-repentis_04.jpg. (Consulter le: 25/05/2015).

[8] charbon nu du blé *Ustilago tritici*:

<http://pim.bayercropscience.ch/pathogen.image?image=728&folder=784x784&type=pathogen&lang=de&subFolder=272> (**Consulter le: 25/05/2015**).

[9] : le site de la parcelle d'essai Google Maps.

Les liens :

GENBANK: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>

PRIMER 3 plus : <https://www.bioinformatique.nl/cgi-bin/primer3plus/primer3plus.cgi>

MIGRE: [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6362583/#:~:text=MIGREW%20database%20currently%20contains%20data,regions%20of%20Russia%3B%20\(5\)](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6362583/#:~:text=MIGREW%20database%20currently%20contains%20data,regions%20of%20Russia%3B%20(5))

MASWheat: <https://maswheat.ucdavis.edu/>

Présenté par: Bouchagoura Roumeissa
Zebiri Aya

Etablissement d'une base de données pour maladies fongiques chez le blé

Mémoire de fin de cycle pour l'obtention du diplôme de Master en Bioinformatique

Résumé:

L'objectif de ce présent travail est d'établir une base de donnée que sera dédiée à étude des blés (Genre *Tritium*) les données est collecté à partir des différent ressource bioinformatiques et regroupé de la base de donnée liée Access à page web, les fonctionnalités qu'offre cette base de donnée par mettre ou sélectionnaire travaillent dans le domaine améliorations génétique des résistance aux maladie fongique chez les blés de faire an plusieurs analyse moléculaire sur 60 gènes de résistance aux maladie de la rouille des tiges, la rouille rayée, la rouille des feuilles et la brûlure de l'épi fusarienne en ce que aux marquer lié.

Mot clé :

blé (Genre *Tritium*),maladie fongique, base de données.

Soutenu le: 12/07/2021

Jury d'évaluation:

Président: Dr. KELLOU.K

M.A.A. UFM Constantine1

Encadrants: Dr.TEMAGHOULTM.

M. A.A. UFM Constantine1.

Examineur: Dr. CHEHILL.H

M.C.A. UFM Constantine1

Année universitaire: 2021/2020