

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية
RÉPUBLIQUE ALGÉRIENNE DÉMOCRATIQUE ET POPULAIRE

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي
MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE



جامعة الإخوة منتوري قسنطينة I
Frères Mentouri Constantine I University
Université Frères Mentouri Constantine I

Université des Frères Mentouri Constantine 1
Faculté des sciences de la nature et de la vie
Département : Biologie Appliquée

جامعة الإخوة منتوري قسنطينة 1
كلية علوم الطبيعة والحياة
قسم البيولوجيا التطبيقية

Mémoire Présenté en vue de l'obtention du diplôme de Master

Domaine : Sciences de la Nature et de la Vie

Filière : Sciences Biologiques

Spécialité : Bioinformatique

N° d'ordre :

N° de série :

Intitulé :

Mise au point d'une base de données pour l'étude génétique des maladies fongiques chez le blé

Présenté Par : BELBACHER Ikhlas Fatima

Le 19/06/2022

BENLAHRECHE Malak

Jury d'évaluation :

Encadreur : Dr. TEMAGOULT M (M.A.A - Université Frères Mentouri, Constantine 1).
Examineur 1 : Dr. KELLOU K (M.A.A - Université Frères Mentouri, Constantine 1).
Examineur 2 : Dr. DAAS M.S (M.C.A - Université Frères Mentouri, Constantine 1).

Année universitaire

2021-2022

Remerciements

En premier lieu, nous remercions avant tout Dieu le tout puissant, pour nous avoir donné la santé, le courage et la volonté d'étudier et pour nous avoir permis de réaliser ce modeste travail dans les meilleures conditions.

Nous tenons à remercier infiniment notre encadreur **Dr. TEMAGOULT Mahmoud** qui nous a accordé son soutien, son aide indéfectible et surtout sa patience et sa gentillesse.

Nous tenons à remercier également les membres de jury. Dr. **KELLOU Kamel** et **Dr. DAAS Mohamed Skandar** pour avoir accepté de lire et d'évaluer notre travail de fin d'étude.

Enfin, nous remercions toutes personnes ayant contribué à l'élaboration de ce travail de loin ou de près, et à leur tête l'ensemble de nos enseignants de bioinformatique qui ont assuré notre formation durant toutes ces années.

Merci à tous

Dédicace

Avec l'expression de ma reconnaissance, je dédie ce modeste travail à ceux qui je ne pourrais jamais leur exprimer mon amour sincère comme il se doit.

A l'homme, mon précieux offre de dieu, qui doit ma vie, ma réussite et tout mon respect : **mon cher père Abdesslam.**

A la femme qui a souffert sans me laisser souffrir et qui n'a jamais dit non à mes exigences : **mon adorable mère Halima.**

A ma chère sœur **Inchirah** et mes frères **Abderahmane** et **Abdeldjalil** qui n'ont pas cessé de me conseiller, encourager et soutenir tout au long de mes études. Que Dieu les protège et leur offre la chance et le bonheur.

A ma grand-mère **Aicha** que Dieu lui donne la santé, la prospérité et une vie pleine de bonheur.

A toi mon grand-père **RABAH**, ceci est ma profonde gratitude pour ton éternel amour, que ce rapport soit le meilleur cadeau que je puisse t'offrir.

A mes neveux **NIDHAL**, **AYCEL**, **LILIANE** et **LAITH** qui par leur présence auprès de moi m'ont donnés beaucoup de joie et de positivité et d'ambiance.

A ma chère binôme **MALAK** merci pour tous les moments qu'on a partagé ensemble durant ces années.

IKHLAS

Dédicace

Je dédie ce modeste travail d'études à :

La source de mes efforts Mon très cher père « **AHMED** » qui m'aidant à aller de l'avant vers le meilleur, et qui m'a tant soutenu moralement et matériellement.

La personne la plus chère à mon cœur, à mon amie dans la vie, **maman « DALILA »**, elle m'a poussé et soutenu dans la poursuite de mes rêves, elle a sacrifié son propre bonheur pour voir au mien. J'espère que bientôt je pourrai te rendre un peu de ce que tu m'as donné.

Mes deux grands- mères « **YAMINA** », « **TELDJA** » Que dieu les gardes et les protège.

Ma chère copine « **chiraz** » merci pour le soutien et l'encouragement continu de votre part.

Ma chère binôme « **IKHLAS** » merci pour tous les souvenirs et les moments que nous avons passés ensemble.

A toute la famille **Benlahreche et Houadek** chacun et chacune a apporté sa touche d'encouragement et de soutien.

MALAK

TABLE DES MATIERES

Introduction Générale	1
Chapitre I : Revue bibliographique	3
1. Généralités sur le blé.....	4
1.1. Origine.....	4
1.2. Morphologie du blé tendre	5
1.2. 1. Appareil végétatif	5
1.2. 2. Appareil reproducteur.....	5
1.3. Systématique (classification).....	6
1.4. Biologie	6
1.4.1. La période végétative.....	7
1.4.2. La période de reproductrice	7
1.4.3. La période de maturation	8
2. Principales maladies fongiques du blé tendre	9
2.1. Maladies du pied	10
2.1.1. Piétin verse (<i>Phaeosphaeria herpotrichoides</i>).....	10
2.1.2. Piétin échaudage	12
2.1.3. Rhizoctone	14
2.2. Maladies transmises par les semences	15
2.2.1. Carie commune.....	15
2.2.2. charbon nu	18
2.2.3. fusarioses de l'épi	19
2.2.4. Septoriose de l'épi	21
2.3. Maladies foliaires	23
2.3.1. Rouilles	23
2.3.2. Tache bronzée	29
2.3.3. Oïdium	31

2.3.4. Septoriose	32
3. La bio-informatique	34
3.1. Généralités.....	34
3.2. Objectifs de la bio-informatique.....	34
3.3. Les applications de la bio-informatique	34
3.4. Base de données et banques de données	35
3.5. Technologie web	35
Chapitre II : Matériel Et Méthodes	37
1. Matériel.....	38
2. Méthodes	38
2.1. Recherche des gènes lies a la résistance aux maladies fongiques du blé	38
2.2. Recherche les séquences des gènes	39
2.3. Collecte les données des gènes.....	41
2.4. Création de la base de données.....	45
2.5. Création de l'application web.....	48
Chapitre III : Résultats et discussion	56
1. Résultats	57
2. Discussion	62
<i>Conclusion</i>	63
<i>Références Bibliographiques</i>	65
Résumé.....	71

LISTE DES FIGURES

Figure 1: Phylogénie du blé tendre [31].....	4
Figure 2: Les différentes étapes de développement du blé [63].....	9
Figure 3: Le piétin –verse [40]	10
Figure 4: Le cycle du piétin-verse [16].....	12
Figure 5: Le piétin échaudage [65]	13
Figure 6: Rhizoctone [66]	14
Figure 7: Epi du blé carié [15]	16
Figure 8: Cycle de développement détaillé de l’agent <i>Tilletia caries</i>	18
Figure 9: Maladie de charbon nu [2].....	19
Figure 10: La fusariose de l’épi blé tendre [8].....	20
Figure 11: Cycle de développement de la FUSARIOSE (<i>Fusarium graminearum</i>) du blé [18].....	21
Figure 12: Septoriose de l’épi blé [33].....	22
Figure 13: La rouille jaune blé [12].	24
Figure 14: Cycle de vie de la rouille jaune [12].....	25
Figure 15: Photo de rouille brune sur feuille de blé [51].	27
Figure 16: Cycle de développement de la rouille brune [1].....	28
Figure 17: Les symptômes de <i>Puccinia graminis</i> f.sp. <i>tritici</i> [1].....	29
Figure 18: Tache bronzée du blé [64].	30
Figure 19: L’oïdium du blé [14].....	31
Figure 20: Cycle de développement de l’oïdium [48].....	32
Figure 21: Tâche septorienne sur la feuille de blé [11].....	33
Figure 22 : Liste des protocoles disponible sur MASWheat.....	38
Figure 23 : La recherche de Lr21 sur GENBANK.....	39
Figure 24 : La séquence de Lr21.....	40
Figure 25 : Interface de GrainGenes.	41
Figure 26 : Interface de PRGdb.	42
Figure 27 : Conditions de PCR et de digestion enzymatique <i>MspI</i>	43
Figure 28 : Germoplasme de Lr21.	44
Figure 29 : Interface de Primer3 Output.	45
Figure 30 : Les tables de la base de données.....	46
Figure 31 : Structures des tables.	47
Figure 32 : Présentation capture du nouveau projet.....	48
Figure 33 : Présentation capture index HTML.....	49
Figure 34 : Présentation capture leaf rust HTML.	50

Figure 35 : Présentation capture stem rust HTML.....	50
Figure 36 : Présentation capture stripe rust HTML.....	51
Figure 37 : Présentation capture du fichier CSS.	52
Figure 38 : Présentation capture leafGenes JS.	53
Figure 39 : Présentation capture stemGenes JS.	54
Figure 40 : Présentation capture stripeGenes JS.	55
Figure 41 : Interface application web GeneWheat.....	57
Figure 42 : Interface des maladies fongiques.....	58
Figure 43 : Interface des rouilles.....	58
Figure 44 : Interface des protocoles.	59
Figure 45 : Interface des gènes de résistance à la rouille des feuilles.	59
Figure 46 : Interface des gènes de résistance à la rouille de la tige.	60
Figure 47 : Interface des gènes de résistance à la rouille des striées.....	61

Liste des tableaux

Tableau 1: Classification du blé tendre [41].	6
Tableau 2: Classification du <i>Gaeumannomyces graminis</i> [7].	13
Tableau 3: Maladies transmises par les semences du blé [60].	15
Tableau 4: Conditions favorisant de développement des maladies foliaires du blé [29].	23
Tableau 5: Classification de <i>Puccinia Striiformis</i> f.sp tritici [57].	24
Tableau 6: Classification de <i>Puccinia triticina</i> Erik [57].	26

LISTE DES ABREVIATIONS

BD : Base de Données.

CDS: Séquence ADN codant.

CSS: cascading Style Sheet.

HTML: Hyper Text Markup Language.

JVM : Machine Virtuelle Java.

PHP : Personal Home Page.

P.tritici-repentis : Pyrenophora tritici-repentis.

SGBD : Système de Gestion de Base de Données.

S.nodorum: Septoria nodorum.

T.aestivum: Triticum aestivum.

T.caries : Tilletia caries.

Introduction Générale

Introduction Générale

Les céréales constituent une source principale de la nutrition humaine et animale. Elles occupent à l'échelle mondiale une place primordiale dans le système agricole (**Slama et al., 2005**).

En Algérie, la filière céréalière constitue une des principales filières de la production agricole, car elle occupe une place stratégique dans le système alimentaire et dans l'économie nationale (**Djermoun, 2009**). Parmi les céréales, le blé occupe la première place pour la production mondiale et la deuxième après le riz, comme source de nourriture pour les populations humaines. Il est nutritif, concentré, facile à stocker et à transporter (**Alam et al., 2007**).

La culture du blé est fréquemment soumise à des contraintes environnementales et à des nombreux stress abiotiques et biotiques. Parmi les stress abiotiques on trouve les stress d'ordre climatique (gel, températures excessives et sécheresse) ou édaphique (acidité du sol entraînant une toxicité par l'aluminium ou le manganèse). Quant aux stress biotiques, ils sont causés par des organismes vivants (champignons, bactéries, virus, nématodes, insectes, etc.) (**Zahri et al., 2014**).

Le blé est susceptible d'être attaqué par des maladies fongiques au niveau des racines (piétin-échaudage), des tiges (piétin-verse), des feuilles (rouilles, septoriose, oïdium) et des épis (septoriose, fusariose). Elles peuvent occasionner des pertes substantielles aussi bien en rendement jusqu'à 30%.

Plusieurs épidémies sur les plantes cultivées sont déclenchées par une innovation évolutive de l'agent pathogène. Un composant clé repose sur des gènes de résistance (gènes R) qui codent pour des protéines cytosoliques ou membranaires qui détectent directement ou indirectement la présence de protéines infectieuses pathogènes (**Jones et Dangl, 2001**).

Les gènes de résistance que possèdent naturellement les plantes sont primordiaux dans le cadre de la sélection végétale. Plusieurs d'entre eux sont connus pour leur efficacité contre les maladies fongiques, comme le gène *Lr34* issu du blé. Ce dernier, déjà éprouvé avec succès dans la sélection du blé, confère aux plantes, indépendamment de l'espèce, une résistance contre différents agents pathogènes de la rouille *Puccinia*.

L'utilisation de variétés résistantes constitue une composante essentielle pour la majorité des programmes de sélection et un moyen de contrôle efficace qui prend en considération l'aspect écologique aussi bien qu'économique (**Hospital, 2002**).

Dans cet ordre d'idée, le but de cette étude est de réaliser une synthèse bibliographique pour la conception bio-informatique d'une base de donnée.

Le présent travail se devise en trois chapitres :

- Le premier chapitre traite une revue bibliographique sur les différentes maladies fongiques qui touchent le blé tendre.
- Le deuxième chapitre présente le matériel et les méthodes utilisés.
- Le troisième chapitre résume les résultats obtenus ainsi qu'une discussion.

Chapitre I :
Revue
bibliographique

1. Généralités sur le blé

1.1. Origine

La domestication des blés constitue un jalon dans l'histoire des sociétés humaines marquant le début de l'ère Néolithique qui se traduira par l'adoption d'une économie de production fondée sur l'agriculture (Shewry, 2009).

Le blé tendre (*Triticum aestivum*) est apparu il y'a 7000 à 9500 ans, probablement par la domestication des blés. Les botanistes classent le blé tendre dans le groupe des blés hexaploïdes ($2n = 6x = 42$) (Diamond, 2002).

Le génome actuel du blé tendre est issu de deux grands évènements consécutifs d'hybridation. Un premier évènement résultant du croisement entre deux espèces diploïdes ($2n=14$), *Triticum monococcum* (AA) et une espèce proche d'*Aegilops sepltoïdes* (BB), a permis l'apparition du blé dur sauvage (*Triticum turgidum ssp dicoccoïdes*) au génome AABB, à l'origine du blé dur actuel *Triticum durum*. Un second croisement entre le tétraploïde *Triticum dicoccoïdes* et le diploïde *Triticum tauschii* (aussi appelé *Aegilops tauschii* ou *Aegilops squarosa*, génome DD) a conduit à l'obtention de blés hexaploïdes tels que le blé tendre (*Triticum aestivum*) et l'épeautre (*Triticum spelta*) (Bednarek, 2013).

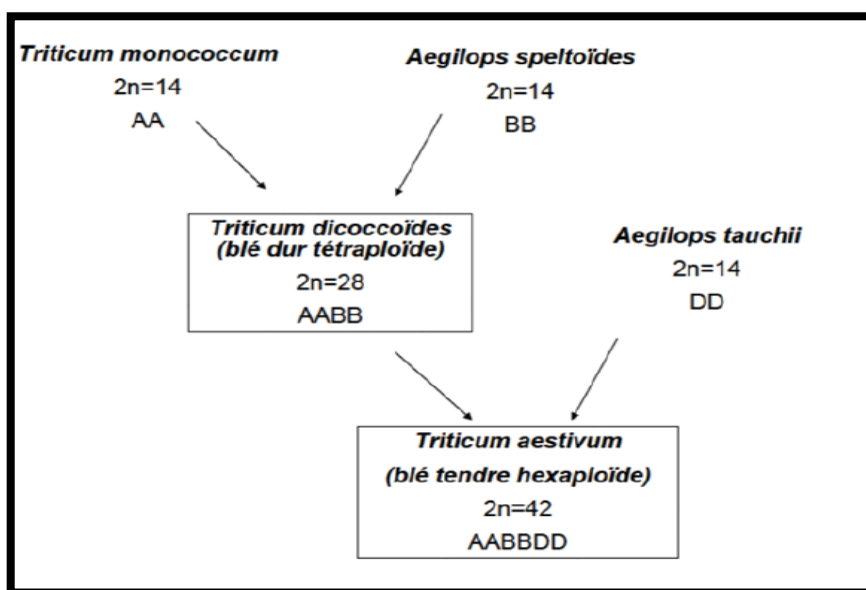


Figure 1: Phylogénie du blé tendre [31].

1.2. Morphologie du blé tendre

1.2. 1. Appareil végétatif

L'appareil végétatif du blé constitué de partie souterraine un système racinaire et de partie aérienne des tiges creuses ou chaumes, portant des feuilles engainantes (**Bednarek, 2013**).

- **Système racinaire** : L'appareil racinaire, chez le blé est formé de deux systèmes racinaires successifs.

Le système de racines primaires ou séminales, ce système est constitué d'une racine principale et de deux paires de racines latérales, soit cinq racines ; éventuellement une sixième racine peut éventuellement se développer, ce système est fonctionnel de la levée au début du tallage.

Le système de racines secondaires ou de tallage, ce système se substitue progressivement au précédent. Il est de type **fasciculé**, il apparaissant au moment où la plante émet ses talles (**BachirBey , 2015**).

- **Système aérien** : formé d'un certain nombre d'unités biologiques, **les talles**. Chaque talle est formée d'une tige feuillée (chaume) portant à son extrémité une inflorescence. les ramifications partent toutes d'une même zone, court-nouée et située à la base de la tige, le **plateau de tallage**. La première talle apparue est appelée « *brin-maître* ».

La tige est formée d'entre-nœuds, qui sont divisés par des nœuds, zones méristématiques à partir desquelles s'allongent les entre-nœuds et se différencient les feuilles. Chaque nœud est le point d'attache d'une feuille.

Les feuilles sont alternes ou distiques, chaque feuille comprend deux parties : une portion inférieure enveloppant l'entre-nœud correspondant (la gaine) ; et une portion supérieure (le limbe) (**Fritas , 2012**).

1.2. 2. Appareil reproducteur

- **Fleurs** : Elles sont regroupées en inflorescence ou épillets, attachés au rachis, avec 15 à 25 épillets par épis et comportant de 3 à 5 fleurs, tandis que chaque fleur est enveloppée de deux glumelles l'une à l'intérieur et l'autre à l'extérieur (**Benderradji, 2013**).
- **Epi** : L'inflorescence du blé est un épi muni d'un rachis portant des épillets séparés par de courts entre nœuds. Généralement compactes, à longues glumes, étoilées fortement anguleuses, allongées (**Maamri, 2011**).

- **Grain** : Le grain de blé est constitué de 3 grandes parties : le germe, l'albumen et les enveloppes. Il est constitué majoritairement d'amidon qui représente environ 70% de la matière sèche du grain et qui est situé dans l'albumen d'autre part les protéines représentent 15% de la matière sèche et se retrouvent dans tous les tissus du grain de blé (Debiton, 2011).

1.3. Systématique (classification)

Le blé tendre appartient à la classification présentée dans le tableau 1.

Tableau 1: Classification du blé tendre [41].

Règne:	Plantae (Règne végétale)
Division:	Magnoliophyta (Angiospermes)
Classe:	Liliopsida (Monocotylédons)
S/Classe:	Commelinidae
Ordre:	Poale
Famille:	Poaceae (ex Graminées)
S/Famille:	Triticeae
Tribu:	Triticeae (Triticées)
S/Tribu:	Triticinae
Genre:	<i>Triticum</i>
Espèce:	<i>Triticum aestivum</i> L. ou <i>Triticum vulgare</i>

1.4. Biologie

Le blé tendre (*T.aestivum* L.) est une plante herbacée annuelle qui réalise son cycle évolutif en trois périodes principales (période végétative, période de reproduction et période de maturation (Akmoum et al., 2017).

1.4.1. La période végétative

Cette période comprend les phases suivantes :

a) Phase Semi-levée

Cela commence lorsque le grain passe d'un état de vie ralentie à l'état de vie active pendant la germination, ce qui se traduit par l'apparition de radicules et de racines séminales et l'allongement des coléoptiles, ce dernier cesse de croître et se dessèche. La réalisation de cette phase dépend à la fois de facteurs propres à la semence (pouvoir germinatif et énergie) et de facteurs externes (température et humidité du sol) (**Boulal et al., 2007**).

b) Phase levée -début tallage

La première feuille fonctionnelle est allongée, puis les deuxièmes à quatrième sont en alternance. Ils sont emboîtés les uns dans les autres, tous partant d'une zone proche du sol appelée plateau de tallage formée par l'empilement d'un certain nombre d'entre-nœuds et reliée à la semence par des rhizomes (**Siouda et al., 2017**).

c) Phase début tallage-montaison

La phase du tallage herbacé est suivie par le stade montaison qui commence lorsque l'épi du maître brin atteint une longueur de 1 cm mesurés à partir de la base de la couronne ou plateau de tallage (**SALAH I et al., 2018**).

La montaison est l'étape la plus importante du développement du blé car le stress hydrique ou thermique durant cette étape affecte le nombre d'épis montants par unité de surface. Elle se termine dès que l'épi prend sa forme définitive dans la partie interne de la gaine de la feuille étendard qui gonfle, correspondant au stade de gonflement (**Ouanzar, 2012**).

d) Phase Tallage herbacé – Gonflement

Cette phase comprend ; l'initiation florale, la différenciation de l'ébauche de l'épi, la différenciation des ébauches des glumes, la montaison ou allongement, la méiose ou réduction et gonflement des chromosomes (**Hennouni, 2012**).

1.4.2. La période de reproductrice

C'est la formation et la naissance de l'épi. Cette étape marque la fin de la période végétative et le passage à la reproduction. Elle se caractérise par une demande accrue en eau, en lumière

et en azote et s'étend de la montaison à la fécondation (**Salahi et al., 2018**). On distingue les périodes suivantes :

a) La phase montaison – gonflement

La montaison commence à la fin du tallage, se caractérise par l'allongement des entre-nœuds et la différenciation des parties florales.

À cette phase, certaines talles herbacées commencent à reculer tandis que d'autres sont couronnées par des épis.

Au cours de cette période de croissance active, les besoins en éléments nutritifs, en particulier les besoins en azote, augmentent. Elle se termine à la fin de l'émission de la dernière feuille et une manifestation du gonflement provoqué par l'épi dans la gaine (**Rebai et al., 2013**).

b) La phase d'épiaison

Il correspond à la sortie de l'épi de la gaine de la dernière feuille, ce stade correspond à Lorsque 50% des épis sont à moitié sortis des gaines des dernières feuilles. A ce stade Les fleurs les moins développées, celles de la base des épis, se dégénèrent (**Melki, 2007**).

c) La phase de la floraison

Il correspond à l'apparition des étamines sur l'épi, là où fécondation a eu lieu, ce qui indique la fin de l'épiaison et le début de la formation des grains. La croissance du grain commence avec la fécondation de l'ovule par le pollen, la tige et l'épi à ce stade ils ont achevé leur croissance. Ensuite la tige contient 5 à 6 entre-nœuds, et le dernier entrenœud, est le plus long (**Melki, 2007**).

1.4.3. La période de maturation

Durant cette dernière période, l'embryon se développe et l'albumen se charge de substances de réserves. Avec une observation de l'augmentation de la taille et du poids des grains.

La phase se termine par un stade laiteux (la graine se casse facilement en laissant émerger un liquide blanchâtre puis le poids frais du grain continue alors d'augmenter tandis que le poids des tiges et des feuilles diminue et l'étape se termine par l'étape pâteuse (les grains sont broyés pour former une pâte).

Enfin, les grains deviennent solides et de couleur jaunâtre : c'est le stade de maturation physiologique (Siouda *et al.*, 2017).

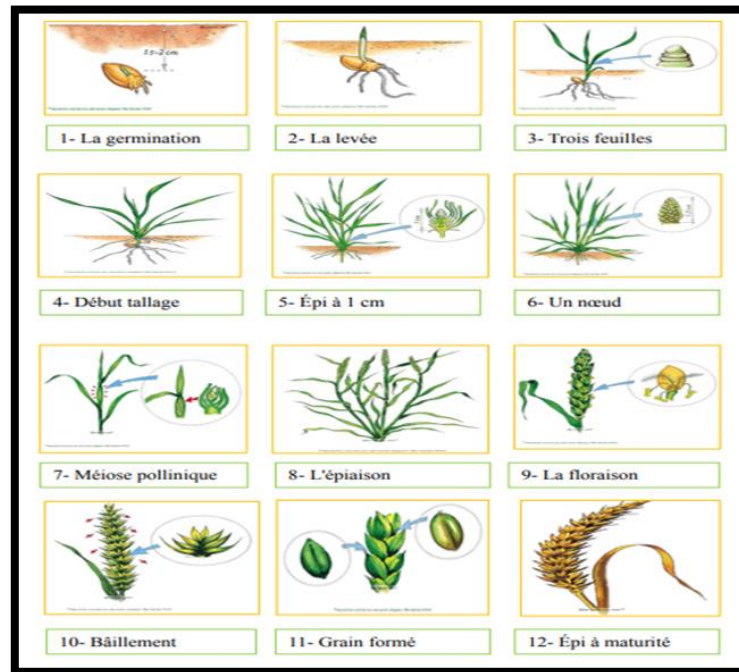


Figure 2: Les différentes étapes de développement du blé [63].

2. Principales maladies fongiques du blé tendre

Le blé tendre peut être attaqué par de nombreuses maladies fongiques à différents stades de son développement (Madref *et al.*, 2001).

Le concept de maladie se rapporte aux anomalies observées par rapport au phénotype attendu. 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'établir entre les deux protagonistes (Lepoivre, 2003).

Les maladies du blé peuvent être classées selon leurs symptômes spécifiques qu'elles induisent et les parties de plante qu'elles affectent (Aouali *et al.*, 2009).

De ce fait on distingue :

- Maladies du pied (piétin verse, piétin échaudage, rhizoctone) : ces maladies causent des fontes de semis. Elles affectent donc la première composante du rendement.

- Maladies foliaires (septorioses, rouilles, oïdium, tache bronzé) : maladies qui affectent le feuillage en diminuant la surface foliaire (photosynthèse).
- Maladies de l'épi (fusariose, septoriose, caries, charbons) : elles affectent la qualité du grain.

2.1. Maladies du pied

La pourriture racinaire ou la pourriture de pied ou encore la pourriture commune, sont des appellations décrivant d'une même maladie due à différents agents pathogènes du genre *Fusarium* (*Fusarium culmorum* ; *Fusarium graminearum*, *Fusarium avenaceum*) et *cochliobolus* (*Cochliobolus sativus*). L'importance des dégâts est intimement liée au type de culture, à la région et surtout aux conditions climatiques (**El hadj Hammiche, 2013**).

2.1.1. Piétin verse (*Phaeosphaeria herpotrichoides*)

Cette maladie est mondialement répandue dans les régions aux hivers doux et humides. Piétin-verse une maladie typique causée par un manque de rotation culturale. Cette maladie, qui dépend énormément des conditions agronomiques, se développe à la base des tiges entraînant la verse parasitaire et des pertes de rendement de 5 à 20 quintaux par hectare (**Rolland et al., 2012**).

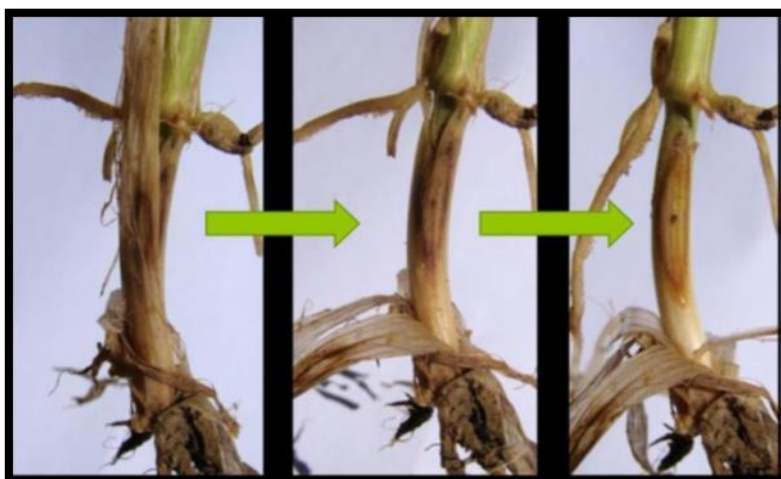


Figure 3: Le piétin –verse [40] .

- **Agent pathogène**

Le piétin-verse (*Phaeosphaeria herpotrichoides* Fron Deighton) est un champignon nécrotrophe. La maladie est causée par deux espèces : *Oculimacula* ou *Tapesia acuformis* (type R=Rye=Seigle) et *Oculimacula* ou *Tapesia yallundae* (type W=Wheat=blé).

Cette première a été décrite en 1912 par Fron comme étant un champignon imparfait caractérisé par des conidies filiformes à nombreuses cloisons transversales.

La deuxième espèce a été décrite en 1988. Celle-ci possède des apothécies d'environ 1mm de diamètre, sessiles, de couleur brun foncé puis plus plates et plus claires lorsqu'elles approchent de la maturité.

- **Symptômes**

Les symptômes provoqués par cette maladie sont visibles à la base de la tige (ou collet) généralement à partir de la montaison et jusqu'à la récolte.

Le piétin-verse va commencer à contaminer le blé dès le stade plantule en pénétrant les différentes gaines foliaires. Lorsque la gaine possède 3 à 5 feuilles, nous pouvons observer les premiers symptômes du piétin-verse. Les différentes gaines sont contaminées au fur et à mesure jusqu'à la tige où nous allons observer la présence d'une tache ocellée bordée par un liseré brun diffus en dessous du premier nœud correspondant à un amas mycélien (=stroma), nous sommes alors au stade de la montaison.

Le champignon va ensuite progresser à l'intérieur de la tige jusqu'à l'infection totale de celle-ci. Il sera alors possible dans la lumière du chaume d'observer un mycélium grisâtre. Sous l'action de ce champignon nécrotrophe les tissus de la tige n'offriront plus aucune résistance et une verse parasitaire pourra être observée (**Masson et al., 2019**).

- **Cycle de vie**

Comme le montre la figure 4, le cycle de vie du piétin-verse est lié à celui du blé. En effet, le champignon va être capable d'hiverner sur les débris de culture et sur les adventices contaminés produisant l'inoculum primaire. Celui-ci va d'ailleurs être d'autant plus présent si l'hiver et le printemps ont été doux (entre 4 et 13°C) et humides (supérieur à 85%). Lorsque le blé atteint son stade plantule, la contamination a lieu via des ascospores et des conidies. Nous allons avoir une contamination des gaines foliaires.

Au stade adulte, les tiges vont commencer à être infectées et nous allons avoir une nécrose de toute une section de tige. La plante contaminée par le piétin-verse à un fort risque de verse

parasitaire. Lors de la récolte, le mycélium ne va pas être éliminé et va rester sur les résidus des chaumes.

Le champignon asexué (*O.yallundae*) va être capable de reproduire chaque année son cycle si une nouvelle culture de blé est réalisée quant au champignon sexué, il va demander des conditions environnementales spécifiques pour reprendre son cycle (El hadj Hammiche, 2013).

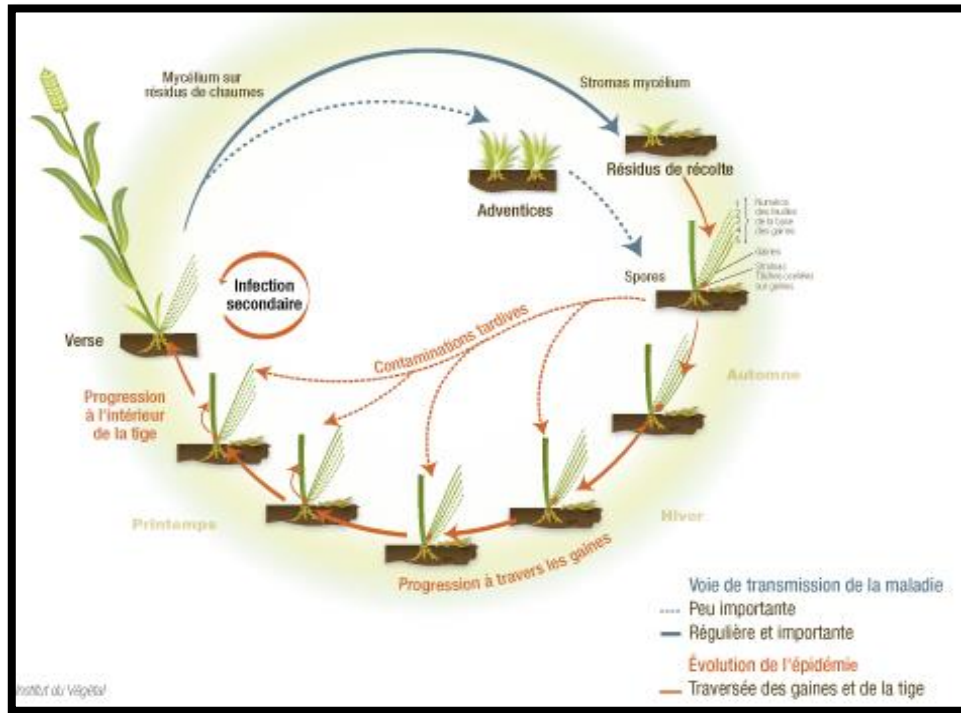


Figure 4: Le cycle du piétin-verse [16].

2.1.2. Piétin échaudage

- **Agent pathogène (*Gaeumannomyces graminis*)**

C'est un champignon du sol qui dans un premier temps attaque les racines. Il est spécifique des graminées et peut être observé dès l'apparition des premières feuilles de la culture.

Tableau 2: Classification du *Gaeumannomyces graminis* [7].

Règne	<i>Fungi</i>
Embranchement	<i>Ascomycota</i>
Classe	<i>Sordariomycetes</i>
Ordre	<i>Magnaporthales</i>
Famille	<i>Magnaporthaceae</i>
Genre espèce	<i>Gaeumannomyces graminis</i>

- **Symptômes**

Cette maladie se caractérise par une pourriture sèche au niveau des racines et de la base des tiges qui prennent une couleur brun foncé à noire.

Les racines fortement infectées sont en majorité détruites. Au stade épisaison, les épis des plantes infectées mûrissent prématurément et deviennent blancs donnant un aspect de foyers blancs dispersés dans la culture au champ.

Ces épis sont stériles ou produisent des grains échaudés de faible pouvoir germinatif.



Figure 5: Le piétin échaudage [65] .

- **Cycle de vie**

Le champignon se conserve sur les débris de plantes contaminées enfouis dans le sol ; généralement à l'automne, les spores issues des résidus contaminent les racines. Après une baisse d'activité pendant l'hiver, le champignon s'active au printemps avec le réchauffement des sols : les racines se nécrosent et noircissent et le champignon évolue vers la base des tiges qui se recouvrent d'un manchon noir. Avec l'arrivée de l'été, le champignon reprend un mode de vie saprophytique sur les racines nécrosées et la base des tiges desséchées. Des points noirs contenant les ascospores s'y forment ; ils permettront la dissémination de la maladie (Aouali et al., 2009).

2.1.3. Rhizoctone

- **Agent pathogène (*rhizoctonia cerealis*)**

Rhizoctonia cerealis est un champignon ubiquiste qui affecte de nombreuses cultures et différents organes. Il se manifeste particulièrement sur les organes qui sont en contact avec le sol froid et humide. Les plus grands dommages surviennent principalement au printemps, les semaines suivant la plantation.

- **Symptômes**

C'est une maladie qui attaque les racines, les gaines et les tiges. Les dégâts faits aux racines (pourriture sèche) sont extrêmement difficiles à reconnaître sur les champs. A la base des tiges et sous les gaines apparaissent des taches plus ou moins irrégulières à bordure sombre, de couleur pale ou jaune au centre d'aspect feutré. Lorsque l'infestation est importante le champignon pénètre à l'intérieur de la tige entraînant la fragilité de celle-ci.



Figure 6: Rhizoctone [66] .

- **Cycle de vie**

La dispersion du mycélium et des sclérotés se fait par les travaux du sol. La durée d'incubation est variable selon la température et de l'humidité. Les conditions favorables au développement de la maladie sont la charge élevée en céréales, un sol léger avec un pH bas, un temps sec et froid (**Bouakaz et al., 2013**).

2.2. Maladies transmises par les semences

Le blé est attaqué par de nombreux agents pathogènes, et parmi les principales maladies transmises par les semences citons les caries (*Tilletia* spp), le charbon nu du blé (*U. tritici*) et la septoriose (*S. nodorum*), Fusariose de l'épi (*Fusarium* spp) (**tableau 2**) (**Sahri et al., 2019**).

Tableau 3: Maladies transmises par les semences du blé [60].

Maladie	Agent responsable	Mode de contamination
Charbon nu	<i>Ustilago nuda tritici</i>	Contamination florale
Carie commune	<i>Tilletia caries</i> <i>Tilletia foetida</i>	Semences contaminées + Sol contaminé
Septoriose de l'épi	<i>Septoria nodorum</i>	Contamination des épis
Fusariose de l'épi	<i>Fusarium</i> spp.	Contamination des épis

2.2.1. Carie commune

La carie est une maladie très ancienne décrite par Plin l'Ancien ses origines ont été découvertes en 1750 par le naturaliste Tillet. Jusque dans les années 1950, le charbon était la maladie la plus destructrice du blé. Les conséquences économiques pour la filière semence sont importantes car les rendements des lots pourris peuvent chuter de 80 % et la qualité

sanitaire des semences se modifie. Les traitements chimiques des semences ont permis de contrôler la maladie en agriculture conventionnelle, mais la carie reste un risque majeur en agriculture biologique (**Gambaro, 2017**).

- **Agent pathogène**

La carie du blé, provoquée par des champignons basidiomycètes de la famille des Tillétiacées (**Bruyere, 2010**).

- **Symptômes**

Les symptômes n'apparaissent qu'au moment du remplissage des grains. Seul le contenu de grain est transformé en une masse poudreuse noire alors que les glumes et les glumelles sont épargnées. Les épis cariés pourris sont difficiles à repérer jusqu'au battage. Parmi les signes indiquant la présence des épis cariés dans un champ au moment du remplissage des grains, comprennent la couleur vert foncé des glumes et des glumelles et les épillets qui s'écartent du rachis (**Safer et al., 2015**).



Figure 7: Epi du blé carié [15] .

- **Cycle de vie**

L'infection du blé tendre par *T. Caries* peut avoir pour origine les spores présentes dans le sol ou véhiculées à la surface des semences, Lors de la moisson les grains cariés en décomposition éclatent et libèrent les spores qu'ils contiennent, ces spores peuvent être transportées par le vent, peuvent également se retrouver au sol, Ou contaminer directement

les semences, d'où un risque de contamination exponentielle si ces semences sont utilisées par la suite.

La contamination par les semences constitue la voie la plus directe car elle permet un contact de la spore avec coléoptile lors de son émergence à la surface du sol. Un grain carié contient entre 4 et 9 millions de spores et ces spores peuvent survivre plusieurs années dans le sol ou sur les semences, ce qui les rend très capables de se propager. Les spores de *T. caries* germent de manière optimale entre 5 et 10°C, mais la germination moins à partir de 22°C. Un pH légèrement alcalin et une humidité de 40-50% de la capacité de rétention en eau du sol est favorable à leur germination. Au cours de la phase de germination, les spores appelées probasides germent après fusion des deux noyaux formant un tube mycélien (baside). Celui-ci produit des spores haploïdes appelées sporidies qui fusionnent par paire pour produire un mycélium dicaryotique, pénétrant alors la coléoptile après germination de la graine. L'hyphe passe alors au niveau des bases des feuilles et remonte jusqu'au méristème apical où il colonisera le futur épi et ses ovaires. Les probasides produites par la suite seront contenues dans le péricarpe. L'hyphe doit avoir pénétré le méristème avant le début de montaison pour que la maladie se développe.

De plus, le champignon ne peut plus pénétrer la plante après le stade 2 feuilles car les parois végétales deviennent trop épaisses (**Gambaro, 2017**).

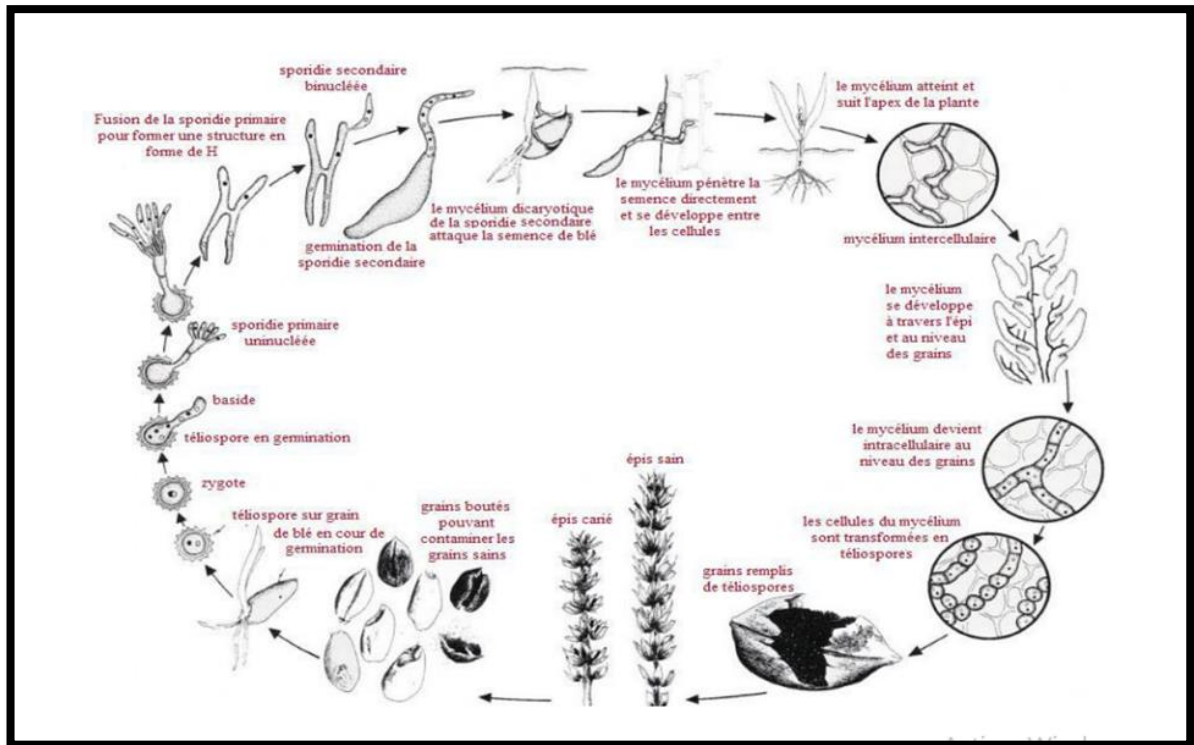


Figure 8: Cycle de développement détaillé de l'agent *Tilletia caries*, responsable de la carie commune du blé [44].

2.2.2. Charbon nu

Le charbon nu se développe aussi bien sur blé tendre que sur blé dur. Des attaques sporadiques de ce champignon sur le blé ont été observées de temps à autre. (Ezzahiri, 2001).

- **Agent pathogène**

Ustilago tritici.

- **Symptômes**

Les symptômes du charbon sont visibles entre la floraison et la maturité. Au début, les épis infectés sont noircis et apparaissent un peu plutôt que les épis sains. Les enveloppes de la graine, ainsi que leur contenu est détruit et remplacés par une masse noirâtre constituée de spores du champignon (Ezzahiri, 2001).



Figure 9: Maladie de charbon nu [2].

- **Cycle de développement**

La contamination des semences provient des épis charbonnés présents dans la culture. L'épi charbonné est une masse poudreuse composée d'un bon nombre de spores qui remplacent les grains. Les enveloppes des grains complétement détruits laissant envoler au moindre choc. A ce stade seul le rachis reste sur les épis (**Boudjemai, 2020**).

Les spores appelés encore chlamidospores, sont globuleuses ou ovoïdes et mesurent 5 à 9 μ leur membrane est brun clair et couverte de fines punctuations.

Transportées à courte distance par le vent, elles se déposent sur les stigmates des fleurs au niveau de l'ovaire en voie de croissance. Les spores d'*U. nuda* et *U. tritici* sont capables de germer en quelques heures. Les conditions favorables à l'infection correspondent à un temps doux (16 à 22°C). Le blé dur est plus tolérant que blé tendre. L'infection maximale se fait en conditions de forte humidité et avant la floraison (**Boudjemai, 2020**).

2.2.3. fusarioses de l'épi

La fusariose de l'épi est une maladie fongique qui peut survenir chez toutes les céréales cultivées qui attaquent tous les organes des plantes (**Bailey et al, 2004 in Bérubé, 2010**). Les champignons responsables de cette maladie appartiennent à deux genres ; *Fusarium* et *Microdochium* (**Rahmani et al., 2015**).

- **Agent pathogène**

Deux groupes provoquant les mêmes symptômes sur épi : *Fusarium Roseum* : *F. graminearum*, *F. culmorum* et *F. avenaceum* *Microdochium nivale*. La fusariose est associée à un complexe d'espèces regroupant deux genres de champignons phytopathogènes *Fusarium* et *Microdochium* (**Benaziza, 2016**).

- **Symptômes**

Chez le blé, la fusariose de l'épi est facile à identifier. Les épillets infectés se dessèchent prématurément, sont souvent blanchis et stériles (**Bérubé, 2010**) Les grains contaminés sont plutôt ratatinés, petits et de couleur blanche à rose en raison de la présence de mycélium dans le sillon du grain. Les fleurs infectées (notamment les glumes extérieures) prennent une couleur sombre et une apparence huileuse (**Benaziza , 2016**).



Figure 10: La fusariose de l'épi blé tendre [8].

- **Cycle de développement**

Pendant la saison de végétation, lorsque les conditions sont favorables, les spores atteignent les épis et provoquent une infection. La période critique pour l'infection des épis débute à l'épiaison et s'étend sur les jours suivants (**Luzon et al., 2007**). Les agents pathogènes passent l'hiver dans les résidus de culture, le sol, les graminées adventices et les semences. Les semis peuvent infecter au moment de la levée et les spores produites dans le siège des

premières infections sont propagées par la pluie ou le vent, et infecte les structures florales et la structure des épis de blé (Rahmani, 2015).

L'infection chez le blé a lieu principalement pendant une courte période, lorsque la sortie des étamines. Cette période ne dure que quelques jours. Cependant Le risque d'infection est toutefois important et les conséquences de la maladie sont graves. Au cour de ce stade du développement, la fleur du blé est largement ouverte et sujette à l'invasion par le champignon. L'infection à ce stade de développement a le plus d'impact sur le rendement en grains (Lauzon, 2007).

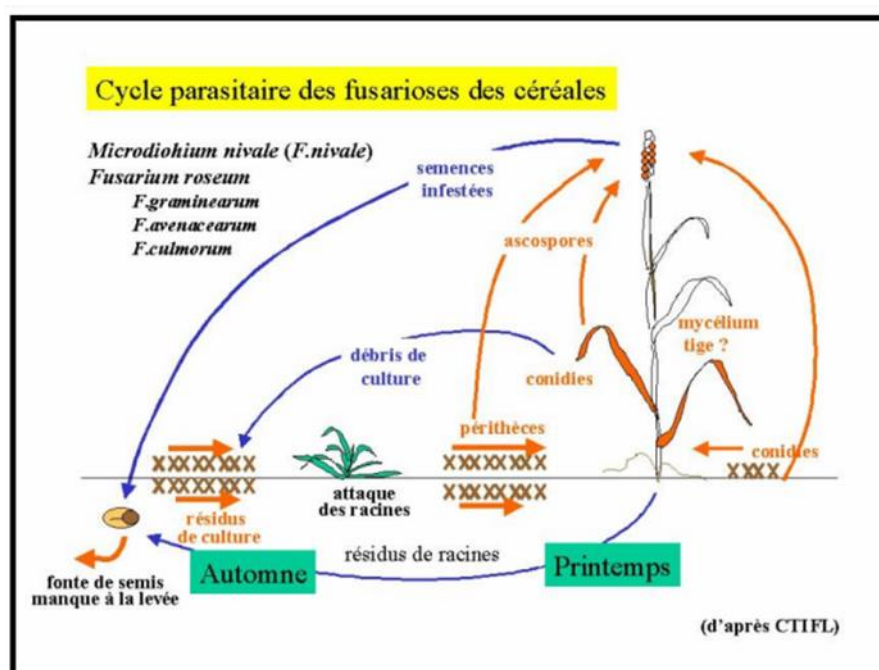


Figure 11: Cycle de développement de la FUSARIOSE (*Fusarium graminearum*) du blé [18].

2.2.4. Septoriose de l'épi

Septoria nodorum l'une des principales maladies foliaires du blé, responsable de la septoriose des feuilles et des épis, Elle cause des pertes de rendements très importantes de l'ordre de 30 à 50% (Ezzahiri, 2001).

- Agent pathogène *Septoria nodorum*
- Symptômes

Les symptômes de *Septoria nodorum* se manifestent sur le feuillage et sur les glumes, la gaine des feuilles et les nœuds. Sur les feuilles, on peut observer des taches ovales ou brunes, elles peuvent être entourées d'une chlorose ou d'un jaunissement périphérique. Lorsqu'elles

sont abondantes, elles se rejoignent et forment de grandes plages nécrotiques (**Ezzahiri, 2001**).

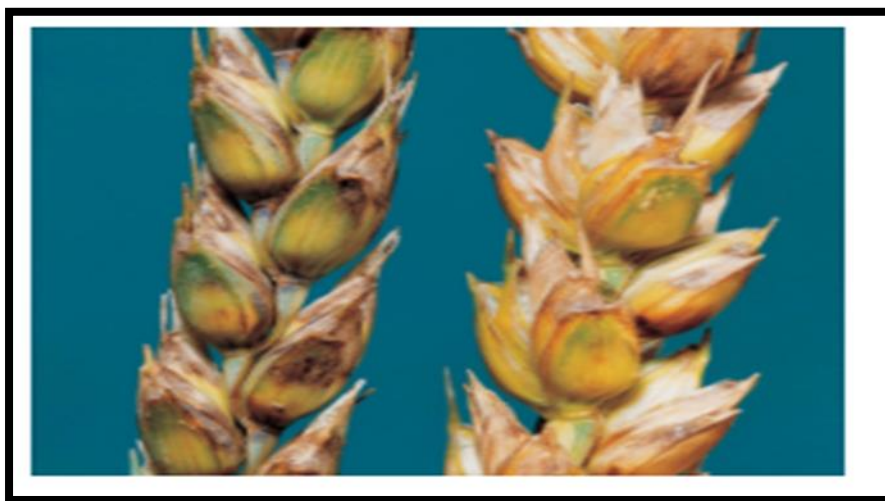


Figure 12: Septoriose de l'épi blé [33].

- **Cycle de vie**

Les principales sources d'inoculum sont la semence et les chaumes. Après la levée des foyers peuvent être observés en raison d'une contamination précoce par les semences ou par les débris de récoltes. Les pycnidiospores sont à la base des épidémies de la maladie.

Elles germent à des taux d'humidité relative de 98 au niveau foliaire. La température doit être comprise entre 5 et 37°C, l'optimum de germination se situe entre 20 et 25°C. Le développement des pycnides est stoppé en dessous d'une humidité relative 98 au niveau du feuillage et ne peut se produire qu'entre 4 et 28°C.

Le développement ultérieur de la maladie se fait selon même le schéma que pour *S. tritici*. La progression de la maladie est fonction des conditions climatiques (pluviométrie et température). Une période pluvieuse et humide prolongée (15 à 20 heures) avec des températures allant de 18 à 20°C à l'épiaison peut entraîner une attaque grave sur les épis (**Selmani et al., 2016**).

2.3. Maladies foliaires

Cette catégorie de maladies regroupe les septorioses, la tache bronzée, l'oïdium, et les rouilles (jaune, brune, noire) (Boulif, 2012).

Tableau 4: Conditions favorisant de développement des maladies foliaires du blé [29].

Agents pathogènes	Durée d'humectation du feuillage (en hr)	Températures °c		
		Min	optimum	Max
<i>Erysiphe graminis</i>	--	1	15 - 20	25
<i>Septoria tritici</i>	48 – 72	6	15 – 22	32
<i>Puccinia triiformis</i>	24 – 36	5	15 – 22	25
<i>Pyrenophora tritici-repentis</i>	24 - 48	-	18 – 28	32
<i>Puccinia recondita</i>	24 – 36	6	20 - 25	35
<i>Puccinia triticinia</i>	24 – 36	6	20 - 26	37

2.3.1. Rouilles

Les rouilles sont des parasites biotrophes obligatoires et endophytes causées par des champignons Basidiomycètes de l'ordre des Urédinales. Les rouilles sont parmi les maladies les plus dévastatrices du blé. Le développement épidémique peut avoir lieu dans certaines régions occasionnant des pertes pouvant aller jusqu'à 25%. Les trois types de rouille qui affectent le blé sont la rouille brune, la rouille noire et la rouille jaune (Amrani, 2013).

Les trois rouilles s'attaquent aussi bien au blé tendre qu'au blé dur. Concernant leur importance relative, la rouille brune est la plus répandue dans sa distribution, alors que la rouille noire est la plus dévastatrice quand elle se développe. La rouille jaune est limitée au climat tempéré froid et aux zones d'altitude (Ezzahiri, 2001).

2.3.1.1. Rouille jaune

La rouille jaune du blé représente une des maladies du blé les plus importantes à travers le monde. Dans la plupart des régions productrices de blé, la rouille jaune peut causer entre 10 et 70 % de pertes de rendement (Rioux, 2015).

- **Agent pathogène**

La Rouille jaune est causée par l'agent pathogène *Puccinia striiformis f.sp. Tritici*. sur blé (Amrani, 2013). Elle peut provoquer des dégâts très importants à la culture. Son développement est lié à des conditions climatiques particulières (Printemps frais, couvert, humide et venteux) (Moreau, 2011).

Tableau 5: Classification de *Puccinia Striiformis f.sp tritici* [57].

<i>Puccinia Striiformis f.sp. tritici</i> Erikss	
Règne	EUMYCETES (Fungi)
Embranchement	Basidiomycètes
Classe	Urediniomycetes/ Pucciniomycetes
Ordre	Uredinales/Pucciniales
Famille	Pucciniaceae
Genre	<i>Puccinia</i>
Espèce	<i>Puccinia striiformis f.sp. tritici</i> Erikss

- **Symptômes**

Les pustules sont sous forme globuleuse et couleur jaune ou orange, disposées en strie le long de 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 (Aouali et Douici-Khalfi, 2009).



Figure 13: La rouille jaune blé [12].

- **Cycle de vie**

Les feuilles atteintes présentent des lésions (décolorations) de forme allongée disposées en longues lignes parallèles au limbe de la feuille.

Lorsque les conditions sont propices à son développement, le champignon produit dans ces lésions de petites pustules jaune orangé et de forme allongée que l'on nomme urédies. Chaque urédie contient des milliers d'urédospores pouvant se disperser aisément par le vent sur de longues distances et infecter d'autres plants de blé.

La rouille jaune attaque les tissus verts de la plante (feuilles, gaines et épis) et l'infection peut survenir à n'importe quel stade de développement du blé.

Les urédospores de la rouille jaune ont besoin d'eau libre sur le feuillage (pluie ou rosée) et de températures entre 7 et 12 °C pendant environ 3 heures pour germer et infecter les tissus. Une fois dans la plante, le champignon prend entre 8 et 14 jours à des températures optimales (10 à 15 °C) pour produire d'autres urédospores. À des températures plus élevées (jusqu'à 25 °C) ou plus basses (jusqu'à 0 °C), son développement est plus lent (Rioux, 2015).

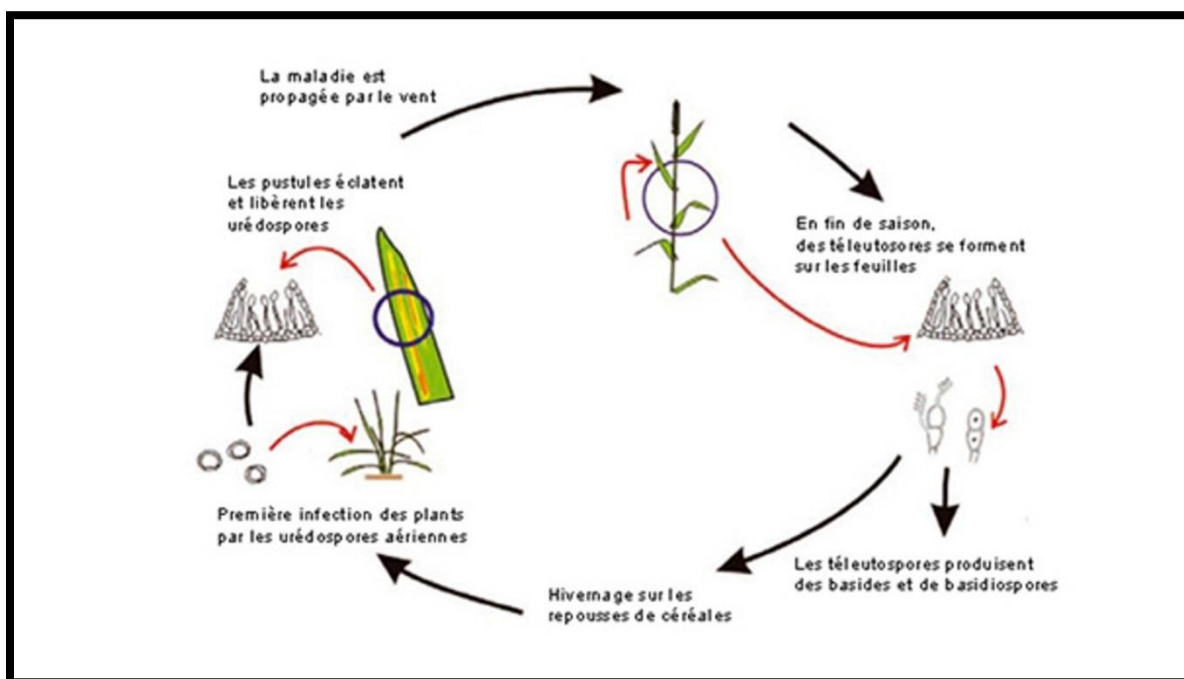


Figure 14: Cycle de vie de la rouille jaune [12].

2.3.1.1. Rouille brune

La rouille brune est une maladie grave du blé qui provoque l'apparition de petites pustules ovoïdes rouge sombre ou brun éparées sur la gaine et la face supérieure des feuilles (El Yousfi, 2015).

- **Agent pathogène**

La rouille brune est une maladie fongique causée par *Puccinia triticina* Erik.

Tableau 6: Classification de *Puccinia triticina* Erik [57].

Puccinia triticina Erik.	
Règne	EUMYCETES (Fungi)
Embranchement	Basidiomycètes
Classe	Urediniomycetes/ Pucciniomycetes
Ordre	Uredinales/Pucciniales
Famille	Pucciniaceae
Genre	Puccinia
Espèce	<i>Puccinia triticina</i> Erik

- **Symptômes**

La rouille brune apparaît plus tardivement que la rouille jaune. En général, elle se développe vers la fin du mois de mai. Cependant, lorsque l'hiver est doux et le semis précoce, elle peut être observée dès le stade 2 nœuds (<http://www.cereales.be>).

La rouille brune est caractérisée par les urédies qui sont des fructifications rondes ou ovoïdes pouvant atteindre 1,5 mm de diamètre. Ces pustules sont de couleur jaune à orangée. Les urédies ne causent pas de chlorose ou de nécrose dans les tissus de l'hôte. Contrairement à la rouille jaune, la rouille brune est répartie uniformément dans le champ. De plus, les pustules sont distribuées aléatoirement sur le limbe supérieur de la feuille. De la poudre brune est libérée des urédies : il s'agit des spores de la rouille brune. Celles-ci sont rondes et légères ce qui leur permet d'être facilement emportées par le vent. Elles sont également facilement observables à la binoculaire lors de leur libération.

Il n'est pas toujours aisé de distinguer la rouille brune de la rouille jaune. La plus grosse différence réside dans la répartition de ces maladies. En effet, la rouille jaune est répartie en foyers dans le champ. De plus, ses pustules sont alignées sous forme de stries. La rouille brune se retrouve, quant à elle, de façon homogène dans le champ et ses pustules sont plus grosses et réparties aléatoirement sur la feuille (<http://www.cereales.be>).

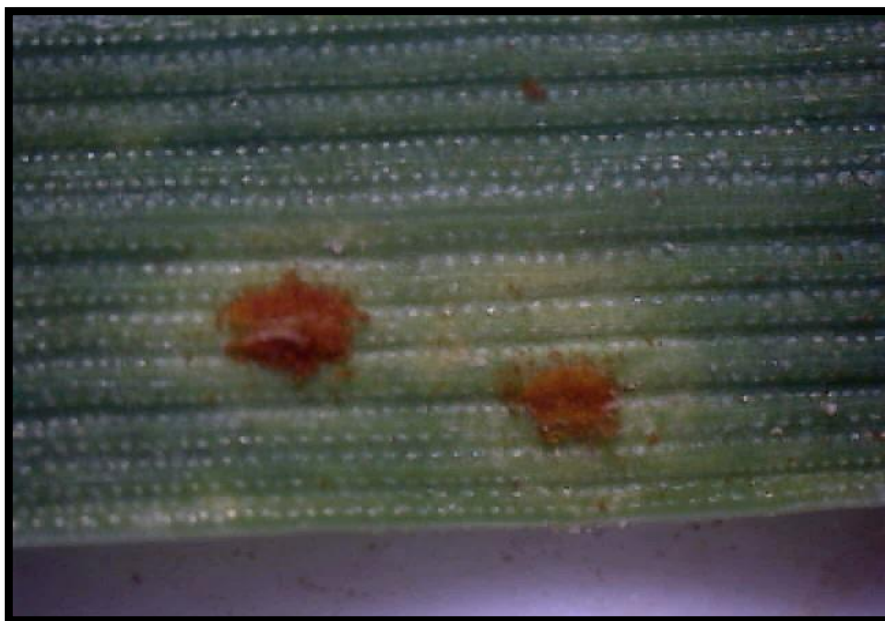


Figure 15: Photo de rouille brune sur feuille de blé [51].

- **Cycle de vie**

Cette maladie se développe à la fin de l'hiver, elle préfère les températures élevées et l'humidité au printemps, à la moisson, les urédospores pulvérulentes sont dispersées par le vent. Les graminées adventices sur lesquelles la rouille se développe plus difficilement peuvent servir d'hôte de transfert. Les infections primaires sont occasionnées par les urédospores (**Yahyaoui, 2003**).

Les infections qui en résultent apparaissent précocement au stade tallage, et constitue par la suite des foyers d'infection caractérisés par la présence des pustules sur les feuilles basales. L'inoculum exogène, provient d'autres parcelles infestées et dont les spores sont transportées par le vent à travers de longues distances. Les pustules de cet inoculum apparaissent sur les feuilles supérieures (**Aouali et Douici-Khalfi, 2009**).

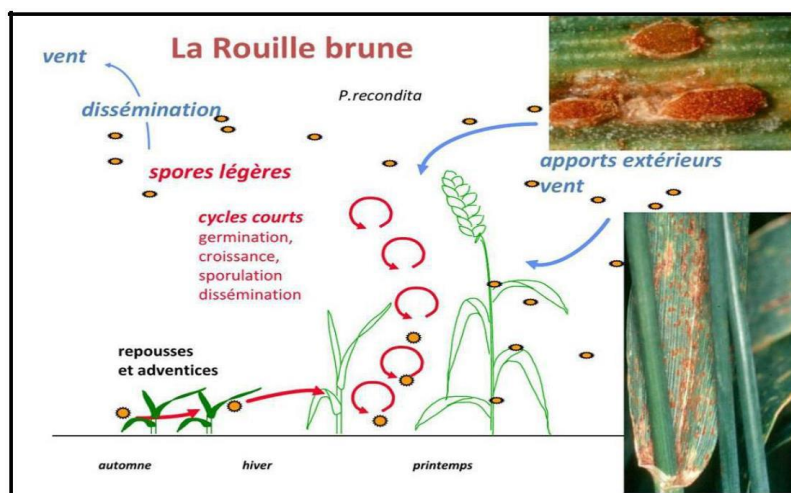


Figure 16: Cycle de développement de la rouille brune [1].

2.3.1.3. Rouille noire

La maladie peut avoir de graves conséquences comme la diminution du poids spécifique, et la qualité du grain (Nasraoui, 2006).

- **Agent pathogène**

Elle est causée par *Puccinia graminis* qui attaque le blé et d'autres céréales comme hôte principal et l'épinet vinette (*Berberis vulgaris*) comme hôte secondaire (Nasraoui, 2006).

- **Symptômes**

Observée non seulement sur blé, mais aussi sur orge et avoine, cette maladie se manifeste par des pustules sporifères brunes (et non noires comme l'indique l'appellation) et allongées qui apparaissent surtout sur les tiges et un peu moins sur les feuilles, mais peuvent atteindre même les épis. Lorsque l'attaque est forte, les pustules deviennent coalescentes. Ces pustules correspondent à des uréides libérant des urédospores après éclatement de l'épiderme de la plante hôte. Lorsque la plante hôte commence à mûrir, des pustules noires apparaissent, elles correspondent à des télies productrices des téliospores. Ces dernières sont libérées après éclatement de l'épiderme de la plante hôte (Nasraoui, 2006).



Figure 17: Les symptômes de *Puccinia graminis* f.sp. tritici [1].

- **Cycle de vie**

Il est bien connu que la rouille noire infecte le blé comme hôte principal et *Berberis* ou *Mahonia* comme hôte secondaire qui transmet la maladie au blé par l'intermédiaire des écidispores. Cependant, il reste possible que l'infection primaire dans les régions à hiver doux soit aussi assurée par le champignon conservé dans des chaumes infectés du blé par l'intermédiaire des urédospores de l'année précédente ou celles produites par le mycélium actif. Également, les vents dominants du Nord-Ouest pourraient amener les urédospores à partir de régions lointaines (l'Europe du Sud-Ouest par exemple) et les disséminer.

Les infections secondaires sont dues aux urédospores disséminées par le vent à partir de la céréale en cours de végétation. Au début de l'été, le champignon produit des télies libérant des téliospores qui lui permettent de se conserver. La rouille noire est considérée comme une rouille tardive qui apparaît généralement à la fin d'un printemps pluvieux elle n'est pas transmise par les semences. Elle était historiquement plus importante quand les variétés autochtones du blé cultivées étaient en général tardives.

Mais avec la sélection pendant les dernières décennies des variétés précoces à haut rendement, le cycle végétatif court de ces variétés ne donne plus suffisamment de temps au développement de la rouille noire qui est ainsi devenue une maladie rare (Nasraoui, 2006).

2.3.2. Tache bronzée

La tache bronzée (Tan Spot), est une maladie du blé très répandue à travers le monde, qui induit des pertes de rendement sur champs pouvant atteindre 49% (Benslimane et al., 2011).

- **Agent pathogène** *Pyrenophora tritici-repentis*

Huit races de *P. tritici-repentis* ont été identifiées à ce jour, en se basant sur leur capacité à provoquer la nécrose ou la chlorose dans un groupe d'hôtes différentiels chez le blé (Benslimane et al., 2013).

- **Symptômes**

Sous des conditions favorables, le champignon provoque sur le feuillage du blé des taches nécrotiques ovales bordées d'une auréole jaunâtre, ce qui prémature des feuilles et entraîne une diminution importante du rendement (Yahyaoui, 2003).



Figure 18: Tache bronzée du blé [64].

- **Cycle de vie**

L'agent pathogène se conserve sur les résidus du blé, les conditions favorables pour l'infection : la température entre 18 et 28°C (Yahyaoui, 2003).

En présence d'humidité, les périthèces libèrent les ascospores et le mycelium produit des conidies. Au cours de la saison l'infection secondaire est assurée par les conidies qui sont facilement disséminées par le vent.

La germination des spores et l'infection des tissus sont favorisées par une durée d'humectation du feuillage de 24 à 48 heures (Aouali et Douici-Khalfi, 2009).

2.3.3. Oïdium

L'oïdium est l'une des maladies des céréales les plus facilement identifiables, causé par *Blumeria graminis f. sp. Tritici*, l'une des maladies foliaires les plus dévastatrice du blé (Fu et al., 2013).

- **Agent pathogène** *Blumeria graminis*
- **Symptôme**

L'oïdium produit des croissances fongiques cotonneuses blanches à grises à la surface des feuilles supérieures. Cette maladie peut se manifester sur n'importe quelle partie aérienne de la plante, mais elle est généralement plus fréquente sur la face supérieure des feuilles inférieures. Des taches blanches à grises du champignon apparaissent au début de la saison de croissance.

En Géorgie, la maladie apparaît généralement entre février et mai selon la zone de culture, la variété plantée et les conditions environnementales.

Les taches ou pustules poudreuses blanches produisent un grand nombre de petites conidies asexuées (également appelées oïdium) en longues chaînes qui sont facilement emportées par le vent et la pluie.

Lorsque l'oïdium est grave, la feuille entière devient jaune et meurt.

Plus tard dans la saison, de petits organes de fructification fongiques noirs immergées dans le tissu fongique gris. L'oïdium peut causer un grave flétrissement des feuilles supérieures et peut attaquer la tête des variétés sensibles (Alfredo et al., 2014).



Figure 19: L'oïdium du blé [14].

- Cycle de vie

L'oïdium infecte la plante hôte par des conidies. Après être véhiculées par l'air, Les conidies se fixent à l'organe de la plante hôte dans l'air, germent et forment un mycélium superficiel. Dans le même temps, un hyphe court et fin se développe directement dans les cellules épidermiques et forme une haustorie à travers lequel, le champignon absorbe les substances nutritives. A partir du mycélium, les conidiospores se développent et libèrent de nouvelles conidies capables d'induire de nouvelles infections. La reproduction sexuée du champignon aboutit à la production des cléistothèces contenant des ascospores à l'intérieur des asques, L'induction de l'infection primaire pendant la saison de végétation suivante est due au développement du mycélium en conservation ou à la germination des ascospores libérées à partir des asques qui sont déchargés à partir des cléistothèces (Nasraoui, 2006).

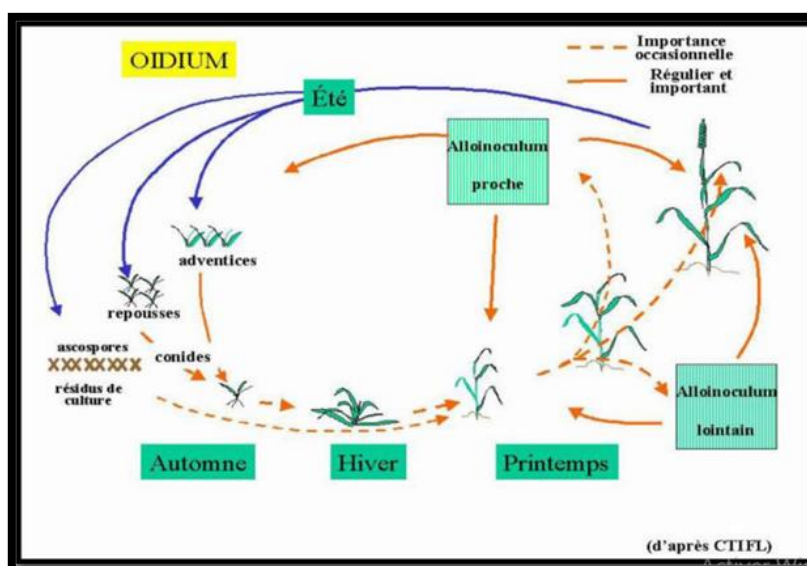


Figure 20: Cycle de développement de l'oïdium [48].

2.3.4. Septoriose

La tache septorienne est l'une des principales maladies fongiques du blé dans le monde. Lorsque la maladie est plus sévère elle peut causer des pertes de rendement allant jusqu'à 60 % (Zahri et al., 2015), l'espèce *Septoria tritici* responsable de la septoriose des feuilles (Ezzahiri, 2001).

- Agent pathogène *Septoria tritici*

- **Symptôme**

En Algérie, *Septoria tritici* qui affecte les feuilles est l'espèce la plus causale de dégâts pendant une période relativement longue d'humidité (15 à 20 h) et du fait d'une température optimum de 22°C peut attaquer la culture dès la levée (**Anonyme, 2017**).

Les premiers symptômes apparaissent sur les feuilles inférieures et progressent au fur et à mesure vers les feuilles supérieures de la plante dans des conditions favorables au développement du champignon. La maladie se manifeste par l'apparition de taches rectangulaires chlorotiques, de taille varie pour qu'elles ensuite deviennent nécrotiques (**Ben slimane, 2011**).



Figure 21: Tâche septorienne sur la feuille de blé [11].

- **Cycle de vie**

Le chaume de la culture précédente est la principale source d'inoculum. Les conidies de ce champignon peuvent survivre jusqu'à 6 mois sur les chaumes de blé et provoquer le contact des premières feuilles avec le sol.

En présence d'eau libre les pycnides gonflent et produisent une gelée sporifère (cirrhe) incolore qui protège les pycnidiospores en condition défavorables. Après germination le champignon colonise le tissu foliaire. L'humidité est essentielle à tous les stades de l'infection.

Des pluies fréquentes et des températures modérées (15-20°C) sont favorables au développement de la maladie. De fortes infestations ont été signalées avec une période d'humectation de 35 heures suivie d'une humidité relative supérieure à 80 pendant 48

heures. Les éclaboussures (effet splash) des gouttes de pluie provoquent la contamination des étages foliaires ; des gouttes de pluie provoquent la contamination des étages foliaires supérieurs. L'humidité est essentielle à tous les stades de l'infection. La maladie monte donc d'un niveau à l'autre d'où son nom aussi maladie du gradient (**Boufelfel et al., 2016**).

3. La bio-informatique

3.1. Généralités

La bio-informatique est une science hybride née de la rencontre entre de la biologie et l'informatique. C'est une branche à part entière de la biologie en plein essor (**Dardel et Képès, 2002**)

Elle associe des données biologiques à des techniques de stockage, de distribution et l'analyse d'informations afin de prendre en charge de nombreux domaines de la recherche scientifique, y compris le domaine biomédical (**Cohen-Boulakia et Valduriez, 2016**).

L'utilisation du terme bio-informatique est utilisée pour la première fois en 1970 (**Hogeweg, 2011**), en référence à l'étude des processus d'information dans les systèmes biotiques.

3.2. Objectifs de la bio-informatique

La Bio-informatique comprend deux sous domaines, le premier consiste au développement des outils et les bases de données et le deuxième sous domaine c'est l'application de ces outils développés pour générer des connaissances biologiques permettant de mieux comprendre les systèmes vivants. Ces deux sous domaines sont complémentaires (**Xiong, 2006**).

La bio-informatique a pour but d'intégrer des données d'origines très diverses pour modéliser les systèmes vivants afin de comprendre et prédire leurs comportements (analyse du génome, modélisation de l'évolution d'une population animale, modélisation moléculaire, reconstruction d'arbres phylogénétiques...) (**Damien et Sayed, 2017**).

3.3. Les applications de la bio-informatique

Actuellement, la génomique et la bio-informatique sont sur le point de révolutionner notre système de santé en développant une médecine personnalisée.

Les outils bio-informatiques sont également utilisés en agriculture. Les bases de données sur le génome des plantes et les analyses du profil d'expression génétique ont joué un rôle

important dans la mise au point de nouvelles variétés de cultures plus productives et plus résistantes aux maladies (Xiong, 2006).

3.4. Base de données et banques de données

- **Base de données :** Une base de données (BDD) ou encore *data base*, Ensemble de données structurées, généralement en champs, organisé en vue de son utilisation par des programmes correspondant à des applications distinctes.
- **Banques de données :** Ensemble de données relatives à un domaine défini de connaissances et organisé pour être offert aux consultations d'utilisateurs.

3.5. Technologie web

Les pages dynamiques et l'accès aux bases de données sont des technologies indispensables au développement d'un site web. Les sites web utilisant les pages dynamiques et les bases de données règnent aujourd'hui en maître sur Internet. Il n'est plus imaginable de développer un site sans faire appel à ces technologies et aux possibilités et de personnalisation qu'elles permettent.

• Technologies front end

Le développement front end comprend toutes les interfaces statiques ou dynamiques que les utilisateurs voient sur leurs écrans. Les principales technologies utilisées pour développer ces interfaces sont :

- HTML : C'est un format de structuration de données permettant de créer des pages web pouvant être lues et présentées dans des navigateurs Web.
- CSS : permet de déléguer les pages HTML en décrivant le style des pages HTML et laissant à ce dernier la description du contenu.
- JavaScript et ses Framework et bibliothèques.

• Technologies back end

Au niveau du back end, pour créer la logique du site web une multitude de choix de langages de programmation se présente. Les plus populaires ainsi que leurs Framework associées sont :

- PHP : est un langage de programmation informatique essentiellement utilisé pour produire à la volée des pages web dynamiques.

- Python : est devenue l'un des langages de programmation les plus populaires actuellement. Ce langage est également connu comme le meilleur langage pour la création d'applications web.
- JavaScript : a une bonne réputation pour sa grande compatibilité entre les plateformes. La machine virtuelle Java (JVM) lui permet de fonctionner sur une grande variété de dispositifs et de plateformes. La plupart des entreprises ont construit leur application back-end en utilisant Java.
- MySQL (relationnel) : est un Système de Gestion des Bases des données (SGBD) Open Source très rapide, robuste et multiutilisateur.

Chapitre II :
Matériel Et Méthodes

1. Matériel

Le matériel utilisé dans notre analyse est constitué d'un ensemble de données biologiques relatives aux mécanismes génétiques de la résistance aux maladies fongiques chez le genre *Triticum* collectées sur différentes bases de données.

2. Méthodes

2.1. Recherche des gènes liés à la résistance aux maladies fongiques du blé

La recherche des gènes liés à la résistance aux maladies fongiques chez le blé a été effectuée sur deux bases de données :

- **MIGREW** : Cette base de données contient des données sur les variétés de blé et les lignées sélectionnées impliquées dans la sélection pour l'immunité, les gènes de résistance du blé, leur chromosome localisation et les marqueurs moléculaires. L'objectif principal de cette base de données est de soutenir les efforts de sélection du blé pour développer une immunité contre les rouilles et l'oïdium.

A partir de la base de données MIGREW, nous avons trouvé un site MASWheat qui nous a fournit une liste complète de protocoles pour plus de 40 marqueurs moléculaires liés aux gènes de résistance du blé.

<https://maswheat.ucdavis.edu>



Figure 22 : Liste des protocoles disponible sur MASWheat

A travers MASWheat on a choisi une liste des gènes de résistance aux maladies fongiques :

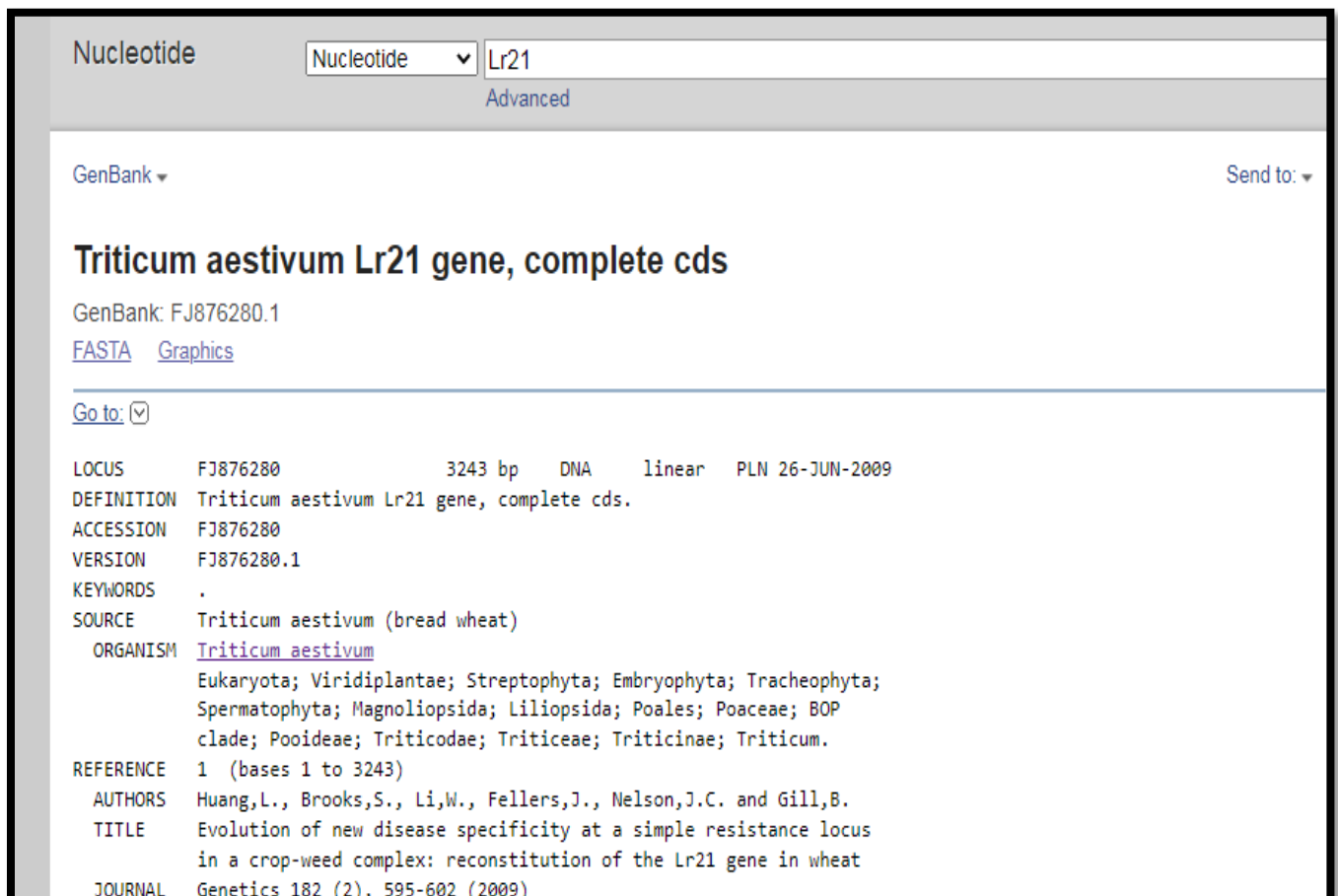
- Gènes de résistance à la rouille des feuilles : 12 gènes.
- Gènes de résistance à la rouille des tiges : 11 gènes.
- Gènes de résistance à la rouille striée : 6 gènes.

2.2. Recherche les séquences des gènes

Recherche des séquences des gènes liés à la résistance du blé aux maladies fongiques dans la base de données GENBANK :

- **GENBANK** : est une base de données publique complète de séquences nucléotidiques et d'annotations bibliographiques et biologiques.
Nous avons accédé à GENBANK pour la recherche des séquences des gènes par leurs noms.

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



The screenshot shows the GenBank interface for the entry 'Triticum aestivum Lr21 gene, complete cds'. At the top, there is a search bar with 'Nucleotide' selected and 'Lr21' entered. Below the search bar, the entry title 'Triticum aestivum Lr21 gene, complete cds' is displayed, along with the GenBank ID 'FJ876280.1'. There are links for 'FASTA' and 'Graphics'. A 'Go to' section is visible. The main content area contains the following information:

LOCUS FJ876280 3243 bp DNA linear PLN 26-JUN-2009
DEFINITION Triticum aestivum Lr21 gene, complete cds.
ACCESSION FJ876280
VERSION FJ876280.1
KEYWORDS .
SOURCE Triticum aestivum (bread wheat)
ORGANISM [Triticum aestivum](#)
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliopsida; Liliopsida; Poales; Poaceae; BOP
clade; Pooideae; Triticodae; Triticeae; Triticinae; Triticum.
REFERENCE 1 (bases 1 to 3243)
AUTHORS Huang,L., Brooks,S., Li,W., Fellers,J., Nelson,J.C. and Gill,B.
TITLE Evolution of new disease specificity at a simple resistance locus
in a crop-weed complex: reconstitution of the Lr21 gene in wheat
JOURNAL Genetics 182 (2). 595-602 (2009)

Figure 23 : La recherche de Lr21 sur GENBANK.

Nous avons pris la séquence, CDS et la taille du gène Lr21 :

```
FASTA ▾ Send to: ▾  
  
Triticum aestivum Lr21 gene, complete cds  
GenBank: FJ876280.1  
GenBank Graphics  
  
>FJ876280.1 Triticum aestivum Lr21 gene, complete cds  
ATGGCTACTGCTTGGGACGTTGCCTCTGTTGGTTGGTCCATGGTCGTGTTGGGCTGGTGGTGCCTG  
TCATCACCTTGATCCTGCCAAGATCCTTTCCCGCTGGGTTTCGATGCGGCACAGAAGCTCCAGGGGCT  
AGTGATCAGCATCATGCCGAGATGGAGAACACGCTGCGGGCCGTAGATCAGGAGAGGATGATGCTGAGA  
GGAAAGAAATCAAACCTCCGATGTGGCCGCACTGGACAAGATGGCCGCCATGCTGAGGCACGCTCGGGAGG  
ATGCAGAGGACATCTTCGATGATGCTCATGAGAAGATCTGCGTCGGAGACTTCTCTACGGCGTCGTGCA  
ATCCTTCTCGACGGGATTGCACGCATCATTCCGGAGCAGATGGGCTTGGCTAATGCAGTGGGCACGGAGG  
AGCTCTTTGTGTCGTTTCTTGGACACGCTTCCGGTGAGGCCGTCACTATCGGTGTTGCCGCTCAAATG  
AGCCCGGTATGTGACTATAAATGTTGCGGCGCCCTCTGGCGGCGAGTCTATTCCGGTAACTACAGTGC  
TGAGCCTCACACGAACCAACAGCTCCATCCTCCGATCCTTGGGGCGGTGCTCTCTTGTCTTTCCAGC  
TCCTTCAACTCGTCAAGTACTATTGTACATCCAGCTTCAACTGGTTACGCTTTTACCAGATTGGTCTC  
ATGAGGTGGTGGTGTCACTTATCAGGAGAATGCCACTGCATTGGATGTTGCTTACTGCTATCTC  
AAGATGGAAGTGAATAAAGAAATAGAGAAGGTACAAAGTACCATCAGCGAAGTGACGAAGTCAACGCTC  
TTGGGCACGGCAAGCAAGAGTGCACCAGACGATATTGCTAACAAGAATAGGAGTAGAATAGAACTGCTA  
GCAAGCGGAAGGATTTGGTTCGAGAGGGGCTGCGTGATCATATCATGGTAAGGCTTCGTGAGATACCAGA  
GCATGATGCAGCAAGCTCAAGTGTGATCCATGTTACTCAGTGATTGGTATATATGGTGTGCTGGGTCT  
GGGAAGACCACGTTTGCAGGATATATTCAAGATTACATAAAGGAGGAATGCAAGGATGAGAAAATTTTCG  
ACACCATCATGTGATTCATGTGACTGAACTTTCAGTGTGGATGATATATTCATGAAATGCTGAAGTA  
TATTACCGGAGATAGTCACTCCAATATTTTCAGATCGTGGGCTCTAGATAAGAAGTTGAAGGAAGCATTG  
TGTGGCAAACGTTTCTTCTTGATATTGGATGATCTCTGGGTGAAAAACAAGAATGACCAACACCTAGAGG  
AGCTAATCTCTCACTCAATGTTGGGCTGAAAGGAAGCAAAATCCTGGTGACGGCTCGAACAAAAGAAGC  
AGCTGGAGCTCTGGGTGCCGATAAATTTATTGAAATGCCTGATTTGGATGAGGATCAGTACTTGGCGATG  
TTTATGATTATGCGCTAAGTGATACAAGAGTTGCCCTTCAAGAATTTGAACAAGTTGGGAGAGAGATTG  
CCAAAAAATACACCGATCACCTATTGCAGCAGTAACAGTTGCAGGACGGCTTGGGGCAAAACCAATAT  
CAGTTTTTGGAAAAATGTTGCAAAAGCTTGACATGTTGAATTACACCATGGATGCTCTTGGTGGAGCTAT
```

Figure 24 : La séquence de Lr21.

2.3. Collecte les données des gènes

Recueillir les données sur les gènes de résistance aux maladies fongiques du blé à partir de plusieurs bases de données :

- **GrainGenes** : est la base de données internationale des génomes du blé, de l'orge, du seigle et de l'avoine. Pour ces espèces, il s'agit du principal référentiel d'informations sur les cartes génétiques, les sondes et amorces de cartographie, les gènes et les allèles. La documentation comprend des données telles que les séquences d'amorces, chromosomes, et les descriptions des polymorphismes. A l'aide de cette base de données nous avons trouvé la classe et le locus de chaque gène.

<https://wheat.pw.usda.gov/GG3/>

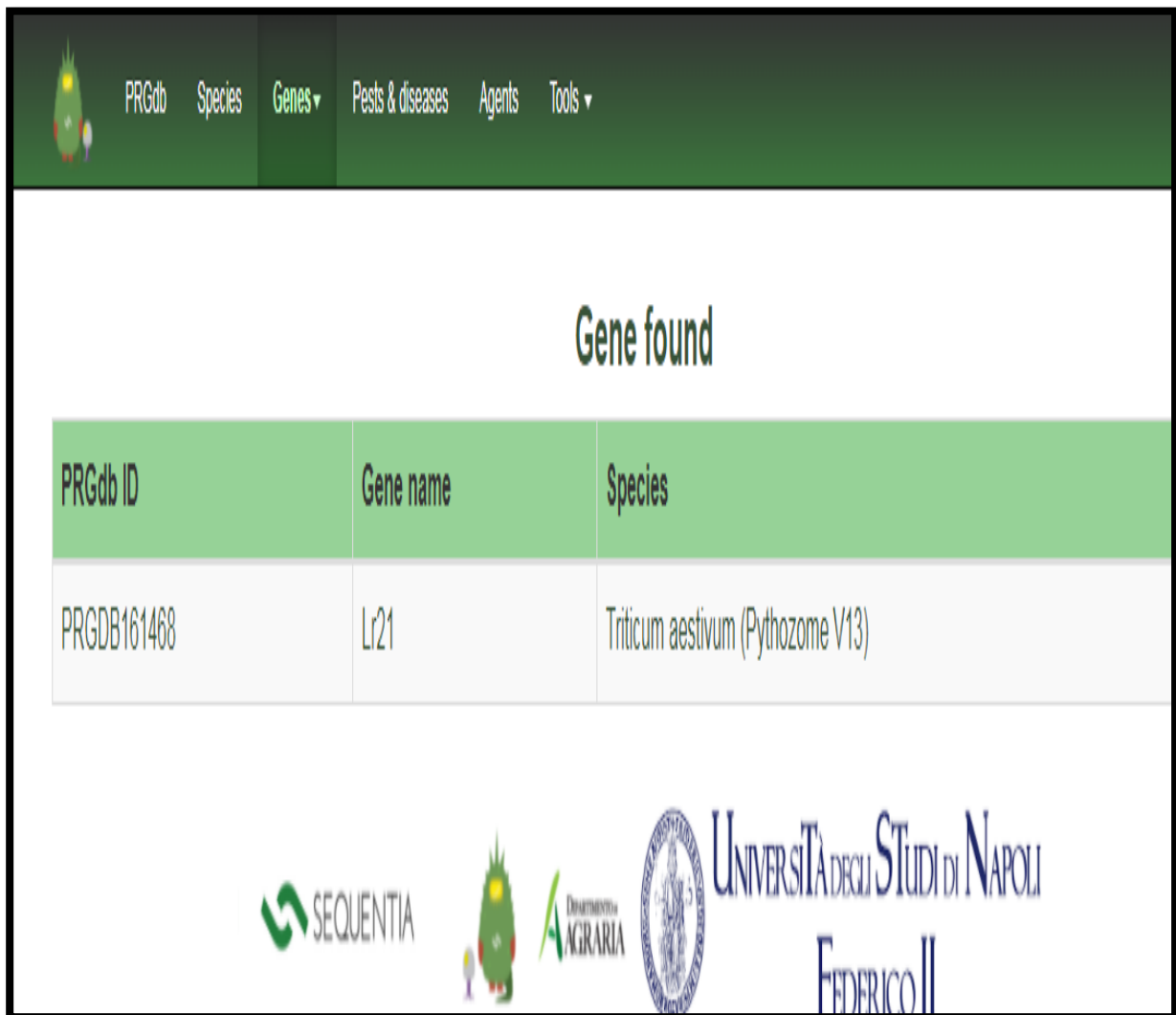
The screenshot shows the GrainGenes website interface. At the top, there is a navigation menu with links for Home, GrainGenes Tools, Query Data Types, Resources, Collaborations, and About, along with a Feedback link. Below the menu is a search bar with the text "Query (optional) *Lr21*" in a text input field, "in Class" followed by a dropdown menu set to "Gene", and a "GO" button. The main content area displays the "GrainGenes Gene Report: Lr21 (Triticum)". Below the title is a link for "[Submit comment/correction]". The report lists several fields: Gene (Lr21 (Triticum) [Marker Report]), Synonym (Other name Lr21 (Aegilops)), Gene Class (Reaction to Puccinia recondita Rob. ex Desm.), Pathology (Leaf Rust), Locus (Lr21), Reference (three entries with blue circular icons), URL (Protocol for Lr21 at MASwheat), and Chromosome (1D). The reference entries include: Huang L and Gill BS (2001) An RGA-like marker detects all known Lr21 leaf rust resistance gene family members in Aegilops tauschii and wheat Theoretical and Applied Genetics 103:1013; Rowland GG and Kerber ER (1974) Telocentric mapping in hexaploid wheat of genes for leaf rust resistance and other characters derived from Aegilops squarrosa. Canadian Journal of Genetics and Cytology 16:137-144; Fritz A MAS Wheat. Bringing Genomics to the Wheat Fields. Disease resistance. Leaf Rust Resistance. Lr21 MAS Wheat. Marker Assisted Selection in Wheat; Kerber ER and Dyok PL (1979) Resistance to stem rust and leaf rust of wheat in Aegilops squarrosa and transfer of a gene for stem rust resistance to hexaploid wheat. Proceedings of 5th International Wheat Genetics Symposium 358-364; and Rowland GG and Kerber ER (1974) Telocentric mapping in hexaploid wheat of genes for leaf rust resistance and other characters derived from Aegilops squarrosa.

Figure 25 : Interface de GrainGenes.

- **PRGdb** : est une base de données open-source accessible sur le web (<http://www.prgdb.org>) qui représente la première ressource bio-informatique fournissant un aperçu complet des gènes de résistance (gènes R) chez les plantes. Elle contient plus de 16 000 R-gènes connus et putatifs appartenant à 192 espèces de plantes attaquées par 115 pathogènes différents et liés à des informations biologiques utiles.

A partir de PRGdb nous avons pris les espèces végétales :

<http://prgdb.org/prgdb4/>



The screenshot shows the PRGdb website interface. At the top, there is a navigation bar with a logo on the left and menu items: PRGdb, Species, Genes (selected), Pests & diseases, Agents, and Tools. Below the navigation bar, the text "Gene found" is displayed. A table with three columns is shown: PRGdb ID, Gene name, and Species. The table contains one row with the following data: PRGDB161468, Lr21, and Triticum aestivum (Pythozome V13). At the bottom of the page, there are logos for SEQUENTIA, the PRGdb logo, the Dipartimento AGRARIA logo, and the logo of the Università degli Studi di Napoli Federico II.

PRGdb ID	Gene name	Species
PRGDB161468	Lr21	Triticum aestivum (Pythozome V13)

Figure 26 : Interface de PRGdb.

La base de données MASWheat nous donne les conditions d'amplifications de chaque gène.

PCR Program:

- Denature for 5 minutes at 94°C.
- 30 cycles of 94°C for 1 minute, 50° C for 1 minute and 72° C for 2 minutes.
- The last cycle is 72° C for 5 minutes.

Following amplification, the products are digested with *Msp* I in a 15- μ l reaction containing 1.5 μ l of 10X buffer and 10 units of enzyme at 37° C for 3 hours and then separated in 2.2% agarose gels at 35 V constant voltage.

The diagnostic fragment is 885-bp in length.

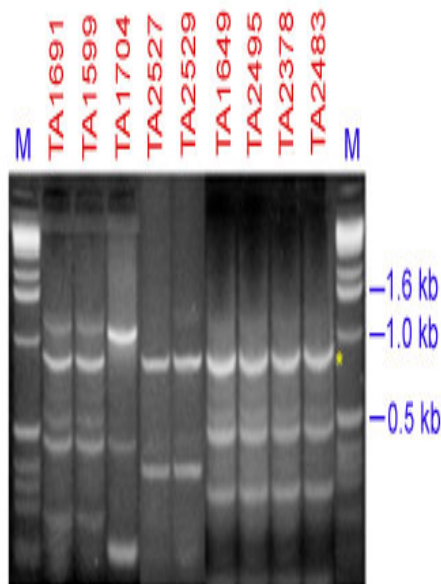


Figure 27 : Conditions de PCR et de digestion enzymatique *Msp*I.

- **KOMUGI** : est une base de données intégrée sur le blé, cette base de données s'intéressait aux stocks génétiques de blé (le genre *Triticum*) et d'espèces apparentées (le genre *Aegilops*) conservés.

Cette base de données contient les germoplasmes et les gènes.

<https://shigen.nig.ac.jp/wheat/komugi/quickSearchAction.do>

The screenshot shows the KOMUGI website interface. At the top, there is a navigation bar with links for Home, About, update information, Site map, and Contact Us. Below this is the KOMUGI logo and a search bar containing 'Lr21'. A secondary navigation bar includes links for How to order, Wheat Taxonomy, Learn, Genome / Dev. (highlighted), Tools / Links, Download, and About us. The main content area is titled 'Catalogue of Gene Symbols' and shows a search result for 'Lr21'. The result includes a table with columns for Gene symbol, Class, Synonyms, Chromosomes, and Germplasm. The Lr21 entry is highlighted in yellow.

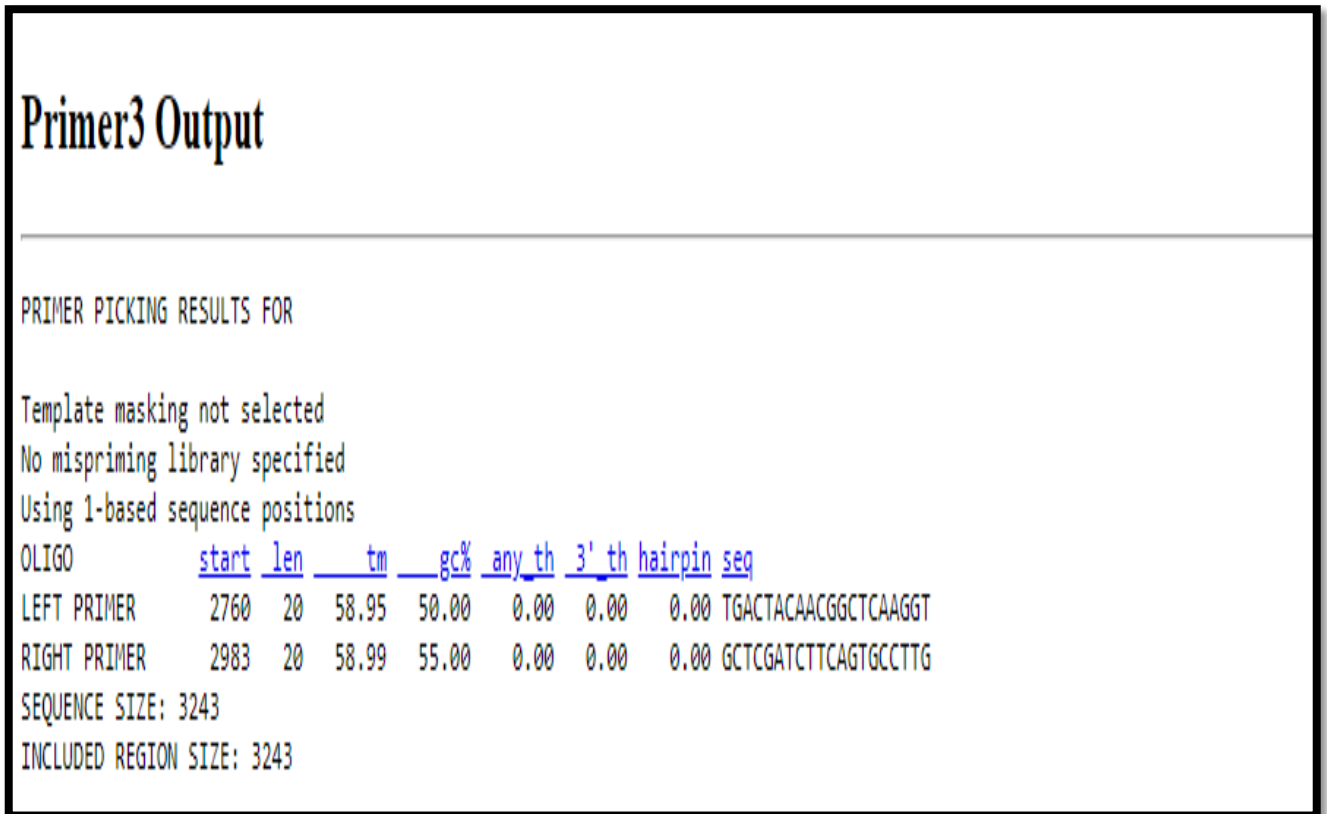
Gene symbol	Class				Synonyms	Chromosomes	Germplasm
	Level1	Level2	Level3	Level4			
Lr21	Reaction to Puccinia triticina	Genes for resistance			Lr40	1D,1DL,1DS	i:Thatcher ⁶ /Tetra Canthatch/Ae. tauschii var. meyeri RL 5289,v:Barlow,v:Faller,v:Tetra Canthatch/Ae. tauschii var. meyeri RL 5289, RL 5406,v:Lovitt,v:McKenzie,v:Prosper,v:WGRC2 = TA1649/3* Wichita,v:WGRC7 = Wichita/TA1649//2*Wichita,v2:AC Cora Lr13,v2:WGRC16 = TAM107*3/Ae. tauschii TA 2460 Lr39,dv:Ae. tauschii accessions: RL5289 = TA1599,dv:Ae. tauschii TA2460 Lr39,dv:TA1649,dv:TA1691,dv:TA2378,dv:TA2470,dv:TA2483,dv:TA2495,dv:TA2527,dv:TA2528,ma:All members of the Lr21 family carry a STS derivative of XksuD14-1D that has a resistance gene analogue structure,ma:XksuD14-1D was reported to map 1.8 cM proximal to Lr21 in,ma: Lr21 - 0 cM - rgaYr10b - 0.6 cM - Xgdm33-1D,ma:Xksu-1D is part of Lr21 ,c: Lr21 was cloned and shown to have a NBS-LRR structure

Figure 28 : Germoplasme de Lr21.

- **Primer3** : est un programme utilisé pour la conception d'amorces PCR (PCR = "Polymerase Chain Reaction"). Primer3 peut également concevoir des sondes d'hybridation et des amorces de séquençage.

Nous avons mis la séquence du gène au format fasta, ce qui nous donne l'amorce R et l'amorce F.

<https://primer3.ut.ee>



```
Primer3 Output

PRIMER PICKING RESULTS FOR

Template masking not selected
No mispriming library specified
Using 1-based sequence positions
OLIGO      start len  tm  gc%  any_th  3' th  hairpin seg
LEFT PRIMER 2760  20  58.95 50.00  0.00  0.00  0.00 TGACTACAACGGCTCAAGGT
RIGHT PRIMER 2983  20  58.99 55.00  0.00  0.00  0.00 GCTCGATCTTCAGTGCCTTG
SEQUENCE SIZE: 3243
INCLUDED REGION SIZE: 3243
```

Figure 29 : Interface de Primer3 Output.

2.4. Création de la base de données

Pour une bonne gestion des ressources génétiques et pour faciliter leur utilisation, la création d'une base de données est fondamentale. Elle permet de rassembler toutes les informations en se rapportant au matériel végétal collecté et de faciliter ainsi l'accès aux ressources conservées.

Dans cette étape on a utilisé le logiciel phpMyadmin.

- **phpMyAdmin** : est une plateforme de développement Web permettant de faire fonctionner localement des scripts PHP. C'est un environnement comprenant deux serveurs ; un serveur web Apache et un serveur de bases de données MySQL.

On a commencé par créer trois tables, chaque table représente les gènes de résistance de certain maladie.

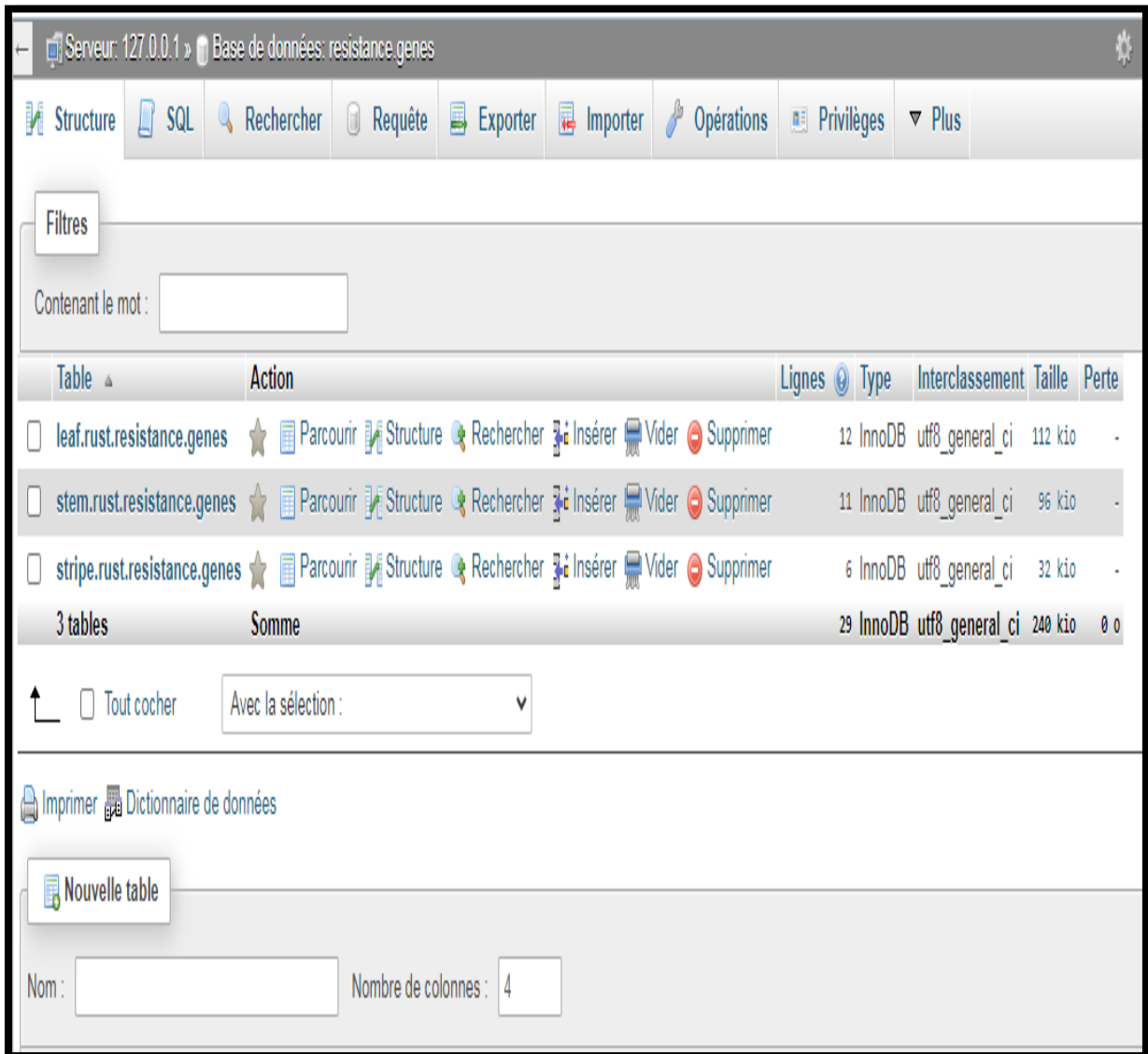


Figure 30 : Les tables de la base de données.

Chaque table de la base de données contient les informations suivantes pour chaque gène :

#	Nom	Type	Interclassement	Attributs	Null	Valeur par défaut	Commentaires	Extra	Action
<input type="checkbox"/>	1 gene_id	varchar(20)	utf8_general_ci		Non	Aucun(e)			Modifier Supprimer Plus
<input type="checkbox"/>	2 gene_name	varchar(80)	utf8_general_ci		Non	Aucun(e)			Modifier Supprimer Plus
<input type="checkbox"/>	3 gene_species	text	utf8_general_ci		Non	Aucun(e)			Modifier Supprimer Plus
<input type="checkbox"/>	4 class	text	utf8_general_ci		Non	Aucun(e)			Modifier Supprimer Plus
<input type="checkbox"/>	5 sequence	longtext	utf8_general_ci		Non	Aucun(e)			Modifier Supprimer Plus
<input type="checkbox"/>	6 size	int(80)			Non	Aucun(e)			Modifier Supprimer Plus
<input type="checkbox"/>	7 cds	varchar(80)	utf8_general_ci		Non	Aucun(e)			Modifier Supprimer Plus
<input type="checkbox"/>	8 primer_r	text	utf8_general_ci		Non	Aucun(e)			Modifier Supprimer Plus
<input type="checkbox"/>	9 pourcentage_gc_r	varchar(20)	utf8_general_ci		Non	Aucun(e)			Modifier Supprimer Plus
<input type="checkbox"/>	10 tm_r	varchar(20)	utf8_general_ci		Non	Aucun(e)			Modifier Supprimer Plus
<input type="checkbox"/>	11 primer_f	text	utf8_general_ci		Non	Aucun(e)			Modifier Supprimer Plus
<input type="checkbox"/>	12 pourcentage_gc_f	varchar(20)	utf8_general_ci		Non	Aucun(e)			Modifier Supprimer Plus
<input type="checkbox"/>	13 tm_f	varchar(20)	utf8_general_ci		Non	Aucun(e)			Modifier Supprimer Plus
<input type="checkbox"/>	14 chromosome	varchar(20)	utf8_general_ci		Non	Aucun(e)			Modifier Supprimer Plus
<input type="checkbox"/>	15 germplasm	text	utf8_general_ci		Non	Aucun(e)			Modifier Supprimer Plus
<input type="checkbox"/>	16 amplification_conditions	varchar(200)	utf8_general_ci		Non	Aucun(e)			Modifier Supprimer Plus
<input type="checkbox"/>	17 size_of_the_amplicon	varchar(20)	utf8_general_ci		Non	Aucun(e)			Modifier Supprimer Plus

Figure 31 : Structures des tables.

2.5. Création de l'application web

La principale raison pour laquelle nous avons choisi le développement d'applications Web est l'accessibilité. Il offre une grande mobilité et un accès facile n'importe où et n'importe quand avec une simple connexion Internet.

- **Visual Studio Code (VSCode)** : est un éditeur de code extensible développé par Microsoft pour Windows, Linux et macos. C'est un éditeur de code multi-plateforme, open source et gratuit, supportant une dizaine de langages (C/C++, Java, PHP, Python, Javascript,).
- **HTML** : (HyperText Markup Language) :C'est un format de structuration de données permettant de créer des pages web pouvant être lues et présentées dans des navigateurs Web.
- **CSS** : Le mot CSS signifie Cascading Style Sheets. CSS permet de d'alléger les pages HTML en décrivant le style des pages HTML et laissant à ce dernier la description du contenu.
- **JavaScript** : désigne un langage de développement informatique, et plus précisément un langage de script orienté objet. On le retrouve principalement dans les pages Internet. Il permet, entre autres, d'introduire sur une page web ou HTML des petites animations ou des effets.
 - **Création d'une application à l'aide de Visual Studio**
 - 1- La création d'un nouveau projet

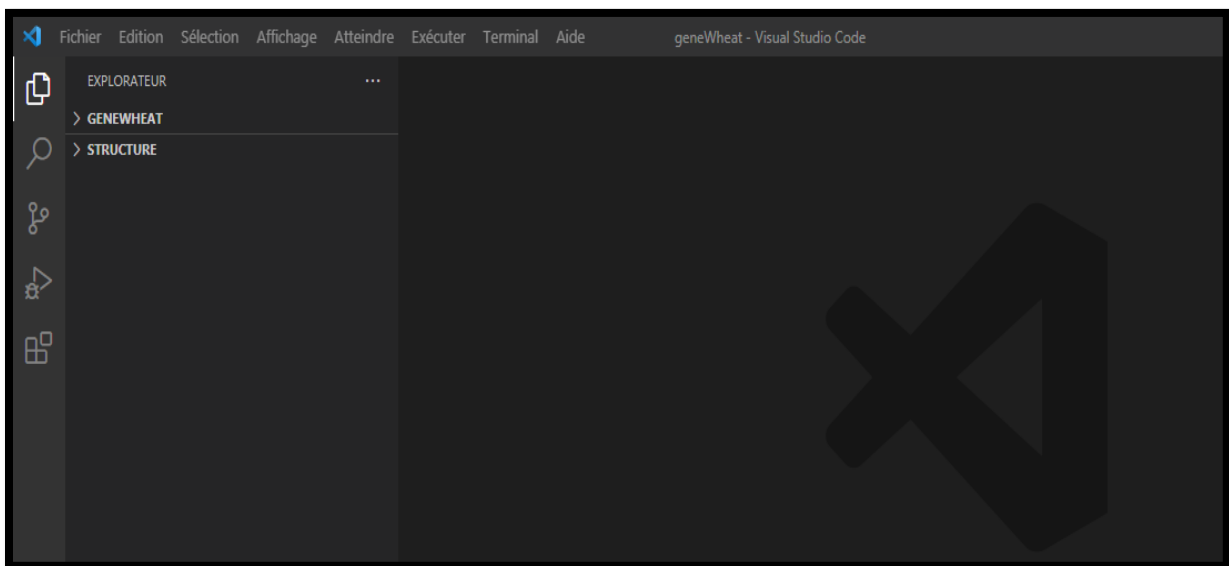


Figure 32 : Présentation capture du nouveau projet.

2- Création des pages HTML

- Index HTML :

```
index.html > html > body > main
1 <!DOCTYPE html>
2 <html lang="en">
3
4 <head>
5   <meta charset="UTF-8">
6   <meta http-equiv="X-UA-Compatible" content="IE=edge">
7   <meta name="viewport" content="width=device-width, initial-scale=1.0">
8   <link rel="stylesheet" href="index.css">
9   <link rel="stylesheet" href="cards.css">
10  <link rel="stylesheet" href="diseases.css">
11  <script src="https://kit.fontawesome.com/1dea6ac3ad.js" crossorigin="anonymous"></script>
12  <title>Genewheat</title>
13 </head>
14
15 <body>
16   <header>
17   </header>
18   <main>
19     <div id="home-page">
20       <section id="headline">
21         <h1>Genewheat</h1>
22         <p>A Database for Triticeae</p>
23       </section>
24       <section id="about">
25         <h2>About</h2>
26         <p>Genewheat a web database that contains information on fungus-wheat interactions. It contains data on
27         and resistance genes in varieties and breeding lines, their chromosomal location, their molecular mark
28         their
29         cds, their primer R, primer F... etc.</p>
30       </section>
```

Figure 33 : Présentation capture index HTML.

- Leaf rust HTML :

```

09
70 v <div class="card-rust">
71 
72 v <div class="rust-info">
73 <h3 class="rust-title">Leaf Rust</h3>
74 <p>Leaf rust is a serious disease of wheat that causes small, dark red or brown ovoid pustules to appear
75 scattered on the sheath and upper surface of leaves</p>
76 <h4 class="symptoms-title">Symptoms</h4>
77 <p>Leaf rust appears later than stripe rust. In general, it develops towards the end of May. However, when
78 the winter is mild and the sowing early, it can be observed from the 2-node stage.</p>
79 </div>
80 </div>
81

```

Figure 34 : Présentation capture leaf rust HTML.

- Stem rust HTML :

```

82 <div class="card-rust">
83 
84 <div class="rust-info">
85 <h3 class="rust-title">Stem Rust</h3>
86 <p>The disease can have serious consequences such as loss of test weight and grain quality.</p>
87 <h4 class="symptoms-title">Symptoms</h4>
88 <p>Observed not only on wheat, but also on barley and oats, this disease is manifested by brown spor
89 </div>
90 </div>
91 </section>
92
93 <section id="genes">
94 </section>
95 </main>
96
97 <script src="navbar.js"></script>
98 <script src="index.js"></script>
99 </body>
00
01 </html>

```

Figure 35 : Présentation capture stem rust HTML

- Stripe rust HTML :

```
</div>
<div id="intro-img">
  
</div>
</div>
<div id="diseases-cards">
  <div class="card-rust">
    
    <div class="rust-info">
      <h3 class="rust-title">Stripe Rust</h3>
      <p>Wheat stripe rust is one of the most important wheat diseases worldwide. In most wheat-growing areas, stripe rust can cause 10-70% yield loss.</p>
      <h4 class="symptoms-title">Symptoms</h4>
      <p>The pustules are globular and yellow or orange in color, arranged in a streak along the veins of the leaves, hence the name of the species. They can also develop on the underside of leaves and on ears and grains.</p>
    </div>
  </div>
</div>
```

Figure 36 : Présentation capture stripe rust HTML.

3- création du fichier CSS

```
# cards.css > #genes
1 #genes {
2   margin: 50px;
3   margin-top: 100px;
4   display: block;
5 }
6
7 #genes.hidden {
8   display: none;
9 }
10
11 #cards {
12   margin-top: 50px;
13   display: flex;
14   justify-content: center;
15   align-items: center;
16   flex-wrap: wrap;
17   gap: 50px;
18   row-gap: 40px;
19 }
20
21 .card {
22   width: 300px;
23   min-height: 650px;
24   padding: 10px 30px;
25   box-shadow: 0px 8px 16px 0px rgba(0, 0, 0, 0.2);
26   border: 1px solid #f8f9fa;
27   border-radius: 8px;
28   min-width: 250px;
29   overflow-wrap: break-word;
30 }
31
32 .card p span {
33   font-weight: 600;
34   margin-right: 5px;
```

Figure 37 : Présentation capture du fichier CSS.

4- création des fichiers JavaScript

- leafGenes JS :

```
JS index.js > ...
1  const leafGenes = [
2    {
3      gene: 'Lr47',
4      name: ' leaf rust resistance gene Lr47 ',
5      idGene: 'AJ238219.1',
6      class: 'Reaction Reaction to Puccinia recondita Rob. ex Desm.',
7      size: '487',
8      cdsGene: '487',
9      chromosome: ' 7A',
10     primerF: 'TGGAAGTACGTGAGCAACCT',
11     tempPrimerF: '58.95',
12     GCprimerF: '50.00',
13     primerR: 'CGTCTCTTCATGCCCCATTG',
14     tempPrimerR: '58.98 ',
15     GCprimerR: '55.00',
16     ampSize: '250',
17     gene_species: 'Triticum aestivum,'
18   },
19   {
20     gene: 'Lr10',
21     name: 'Leaf rust resistance gene Lr10 ',
22     idGene: 'AY270157.1',
23     class: 'Reaction to Puccinia recondita Rob. ex Desm..',
24     size: '3938',
25     cdsGene: 'join(1..812,1985..3938)',
26     chromosome: '1A',
27     primerF: 'CTGCTTCACTTGCCAACCT',
28     tempPrimerF: '58.96 ',
29     GCprimerF: '50.00',
30     primerR: 'TCAAACGTCAGCTGCGAAAA',
31     tempPrimerR: '58.99',
32     GCprimerR: '45.00',
33     ampSize: '206',
34     gene_species: 'Triticum aestivum'
```

Figure 38 : Présentation capture leafGenes JS.

- stemGenes JS :

```
JS index.js > ...
207
208 const stemGenes = [
209   {
210     gene: 'Sr31',
211     name: 'stem rust resistance gene Sr31 ',
212     idGene: 'DQ849629.1',
213     class: 'Reaction to Puccinia graminis Pers.',
214     size: '239',
215     cdsGene: '1..239',
216     chromosome: '1B 1R',
217     primerF: 'GTTGGGGAACGTAGCACAAA',
218     tempPrimerF: '50',
219     GCprimerF: '50',
220     primerR: 'GGTAATTCAGAGCCATTCGTCC',
221     tempPrimerR: '50',
222     GCprimerR: '50',
223     ampSize: '153',
224     gene_species: 'Triticum aestivum'
225   },
226   {
227     gene: 'Sr35',
228     name: 'stem rust resistance gene Sr35 ',
229     idGene: 'KC573058.1',
230     class: 'Reaction to Puccinia graminis Pers.',
231     size: '4872',
232     cdsGene: 'join (275313..276139, 276530..278462)..239',
233     chromosome: '3A',
234     primerF: 'CAACCGTCCCATCCTCGATA',
235     tempPrimerF: '58.96',
236     GCprimerF: '55',
237     primerR: 'GGAGGGTATCTAGCGAACC',
238     tempPrimerR: '59.03',
239     GCprimerR: '60',
240     ampSize: '186',
241     gene_species: 'Triticum aestivum'
```

Figure 39 : Présentation capture stemGenes JS.

- stripeGenes JS :

```
JS index.js > ...
398 const stripeGenes = [
399   {
400     gene: 'Yr10',
401     name: 'stripe rust resistance Yr10 (Yr10) gene ',
402     idGene: 'AF149112.1',
403     class: 'Reaction to Puccinia striiformis Westend.',
404     size: '3630',
405     cdsGene: 'join(1..833,1989..3630)',
406     chromosome: '1B',
407     primerF: 'CCTCCCTCTCTCACTTGCA',
408     tempPrimerF: '59.02',
409     GCprimerF: '55',
410     primerR: 'ACCTTGTCAGAGACCGGAAG',
411     tempPrimerR: '59.03',
412     GCprimerR: '55',
413     ampSize: '174',
414     gene_species: 'Triticum aestivum '
415   },
416   {
417     gene: 'Yr5',
418     name: 'the Yr5 gene for resistance to wheat stripe rust ',
419     idGene: 'AY167601.1',
420     class: ' Reaction to Puccinia striiformis Westend',
421     idGene: 'AY167601.1',
422     size: '608',
423     cdsGene: '1..608',
424     chromosome: ' 2B',
425     primerF: 'ATCCCAAACACTTAGGCGC',
426     tempPrimerF: '58.83',
427     GCprimerF: '50',
428     primerR: 'AGGTGAAGGGGAAAACGAGA',
429     tempPrimerR: '58.57',
430     GCprimerR: '50',
431     ampSize: '100'
```

Figure 40 : Présentation capture stripeGenes JS.

Chapitre III :
Résultats et
discussion

1. Résultats

Le blé en Algérie est soumis à des maladies fongiques très dommageable et qui sont capables de provoquer des symptômes très variés et de générer des impacts quantitativement très variables sur le rendement et la qualité du blé.

Dans le but de faire une synthèse sur la génétique de la résistance du blé face aux maladies fongiques, nous avons créé une base de données en ligne qui sera dédiée aux chercheurs travaillant sur cette thématique.

GeneWheat contient trois pages principales, la première page c'est une présentation de notre application :

<https://gene-wheat.herokuapp.com/#>

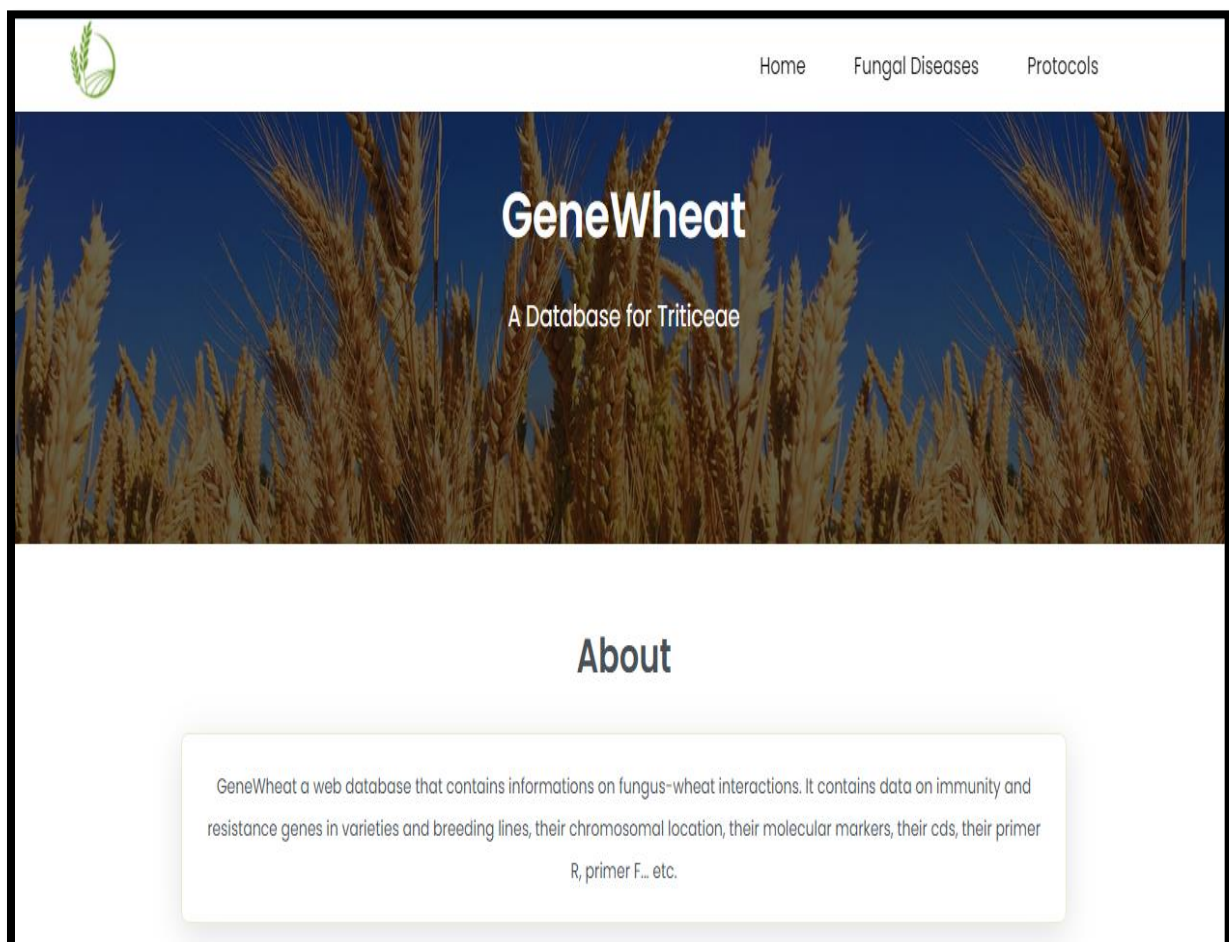


Figure 41 : Interface application web GeneWheat.

La deuxième page présente les maladies fongiques du blé et les différents types des rouilles :

Intorduction

Bread wheat can be attacked by many fungal diseases at different stages of its development. The concept of disease relates to observed abnormalities in relation to the expected phenotype. When a pathogenic agent comes into contact with a plant under environmental conditions favorable to infection, the molecular dialogue begins between the host and the parasite, the outcome of which will define the type of relationship (sensitivity or resistance) that between the two protagonists Wheat diseases can be classified according to the specific symptoms they induce and the plant parts they affect among the fungal diseases: **rusts**

Rusts

Rusts are obligate biotrophic and endophytic parasites caused by Basidiomycete fungi of the order Uredinales. Rusts are among the most devastating diseases of wheat. Epidemic development can take place in certain regions causing losses of up to 25%. The three types of rust that affect wheat are brown rust, stem rust and stripe rust.

Figure 42 : Interface des maladies fongiques.

Stripe Rust

Wheat stripe rust is one of the most important wheat diseases worldwide. In most wheat-growing areas, stripe rust can cause 10-70% yield loss.

Symptoms

The pustules are globular and yellow or orange in color, arranged in a streak along the veins of the leaves, hence the name of the species. They can also develop on the underside of leaves and on ears and grains.

Leaf Rust

Leaf rust is a serious disease of wheat that causes small, dark red or brown ovoid pustules to appear scattered on the sheath and upper surface of leaves

Symptoms

Leaf rust appears later than stripe rust. In general, it develops towards the end of May. However, when the winter is mild and the sowing early, it can be observed from the 2-node stage.

Stem Rust

The disease can have serious consequences such as loss of test weight and grain quality.

Symptoms

Observed not only on wheat, but also on barley and oats, this disease is manifested by brown sporiferous pustules (and not black as the name indicates) and elongated which appear mainly on the stems and a little less on the leaves, but can even reach the ears. When the attack is strong, the pustules become coalescent. These pustules correspond to uredids releasing urediospores after bursting of the epidermis of the host plant. When the host plant begins to mature, black pustules appear, these correspond to telia producing teliospores. These are released after the epidermis of the host plant bursts.

Figure 43 : Interface des rouilles.

La troisième page contient une liste de trois groupes des gènes (leaf rust resistance genes, stem rust resistance genes, stripe rust resistance genes) :

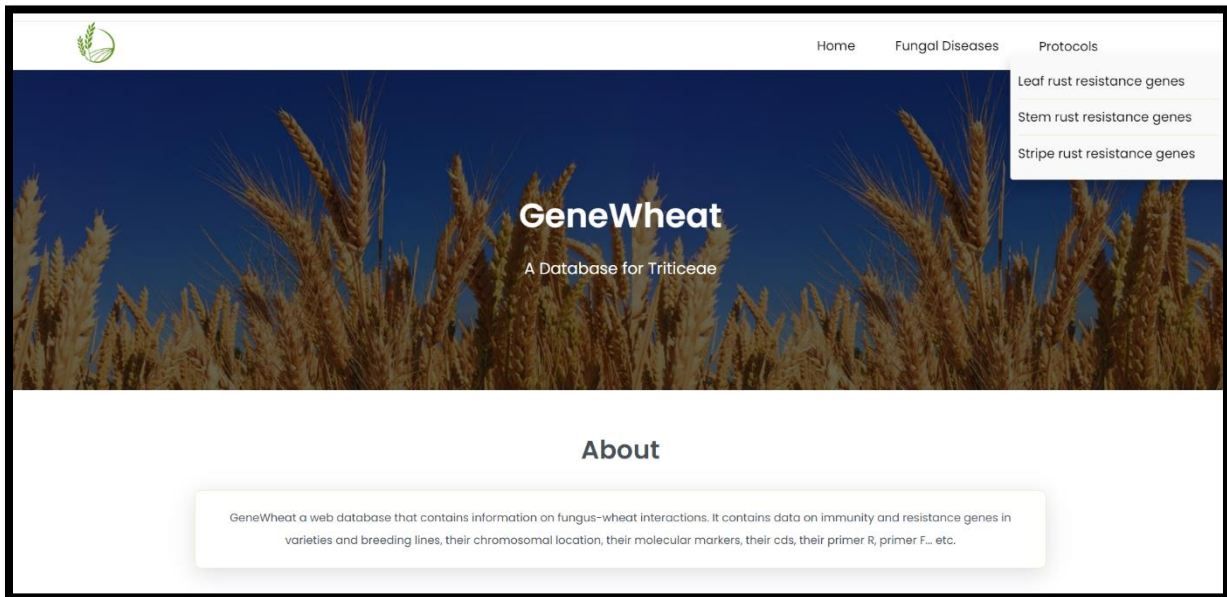


Figure 44 : Interface des protocoles.

Cette interface présente des cartes contient les informations sur les gènes de rouille des feuilles :

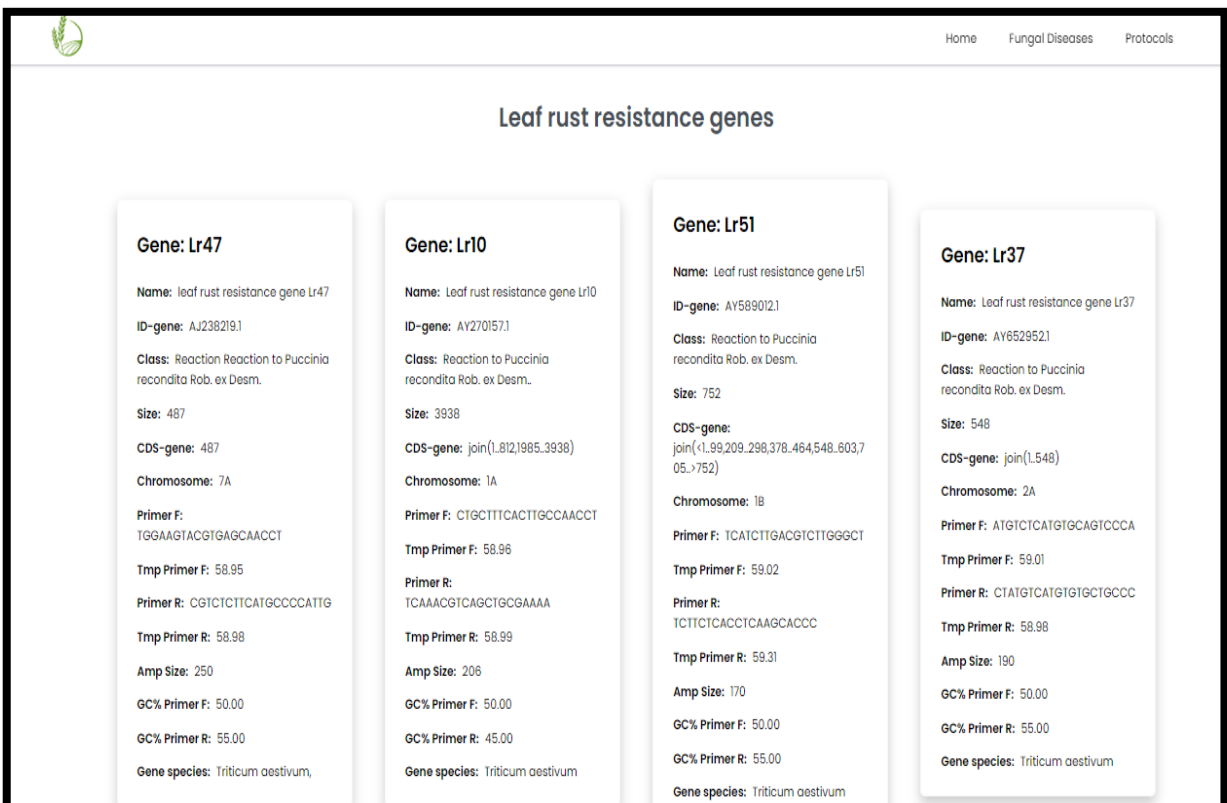


Figure 45 : Interface des gènes de résistance à la rouille des feuilles.

La deuxième interface concerne les cartes des gènes de résistance à la rouille de la tige :

The screenshot displays a web interface for stem rust resistance genes. At the top right, there are navigation links: Home, Fungal Diseases, and Protocols. The main heading is 'Stem rust resistance genes'. Below this, there are eight gene cards arranged in two rows of four. Each card provides detailed information for a specific gene.

Gene	Name	ID-gene	Class	Size	CDS-gene	Chromosome	Primer F	Primer R	Gene species
Sr31	stem rust resistance gene Sr31	DQ849629.1	Reaction to Puccinia graminis Pers.	239	1..239	1B 1R	GTTGGGGAACGTAGCACAAA	GGTAATTCAGAGCCATTCGTCC	Triticum aestivum
Sr35	stem rust resistance gene Sr35	KC573058.1	Reaction to Puccinia graminis Pers.	4872	join (275313..276139, 276530..278462)..239	3A	CAACCGTCCCATCCTCGATA	GGAGGGGTATCTAGCGAACC	Triticum monococcum
Sr33	stem rust resistance gene Sr33	KF031303.1	Reaction to Puccinia graminis Pers.	4639	1..join(130..950,2025..4027,4136..4197)	1D	TTGTGTCAGAAATGCCACGC	GATGACTAGCAGCCGTTGTG	Triticum aestivum
Sr22	stem rust resistance gene Sr22	LN883756.1	Reaction to Puccinia graminis Pers.	5847	(1..428,504..902,3766..5729,5822..5847)	7A	AATCTGCTGCGGTGATTTTC	TCGTACCATATGCTGCGGAT	Triticum aestivum
Sr45									
Sr21									
Sr26									
Sr50									

Figure 46 : Interface des gènes de résistance à la rouille de la tige.

La troisième interface représente les cartes des gènes de résistance à la rouille des striées :

The screenshot displays a web interface for 'Stripe rust resistance genes'. It features a navigation bar with 'Home', 'Fungal Diseases', and 'Protocols'. The main content is organized into four columns, each representing a different gene:

- Gene: Yr10**: Name: stripe rust resistance Yr10 (Yr10) gene; ID-gene: AF149112.1; Class: Reaction to Puccinia striiformis Westend.; Size: 3630; CDS-gene: join(1..833,1989..3630); Chromosome: 1B; Primer F: CCTCCCTCTCTTCACTTGCA; Tmp Primer F: 59.02; Primer R: ACCTTGTTCAGAGACCGGAAG; Tmp Primer R: 59.03; Amp Size: 174; GC% Primer F: 55; GC% Primer R: 55; Gene species: Triticum aestivum.
- Gene: Yr5**: Name: the Yr5 gene for resistance to wheat stripe rust; ID-gene: AY167801.1; Class: Reaction to Puccinia striiformis Westend.; Size: 608; CDS-gene: 1..608; Chromosome: 2B; Primer F: ATCCCCAAAACACTTAGGCGC; Tmp Primer F: 58.83; Primer R: AGGTGAAGGGGAAAACGAGA; Tmp Primer R: 58.57; Amp Size: 199; GC% Primer F: 50; GC% Primer R: 50; Gene species: Triticum aestivum.
- Gene: Yr18**: Name: stripe rusts resistance gene Yr18; ID-gene: EU423903.1; Class: Reaction to Puccinia striiformis Westend.; Size: 986; CDS-gene: join(<1..609,728..>986); Chromosome: 7D; Primer F: GCATAAGTTGGAGGTGGCAG; Tmp Primer F: 58.90; Primer R: CTTATCAGCTTTGCCGTCCC; Tmp Primer R: 58.98; Amp Size: 241; GC% Primer F: 55; GC% Primer R: 55; Gene species: Triticum aestivum.
- Gene: Yr17**: Name: wheat yellow rust resistance gene Yr17; ID-gene: GQ850586.1; Class: Reaction to Puccinia striiformis Westend.; Size: 390; CDS-gene: complement(<1..>390); Chromosome: 2A; Primer F: GATTOCACGGGACAAAAGCTT; Tmp Primer F: 58.47; Primer R: TGGATGAATATGATGCAGCGTC; Tmp Primer R: 45; Amp Size: 205; GC% Primer F: 50; GC% Primer R: 45; Gene species: Triticum aestivum.

Figure 47 : Interface des gènes de résistance à la rouille des striées.

2. Discussion

L'outil informatique a de plus en plus émergé au sein des différentes disciplines en biologie. Étant donné que les biologistes génèrent une quantité croissante de nouvelles données portant sur les gènes, les organismes, leurs interactions et leur évolution. Le biologiste doit avoir accès aux différentes informations issues de données biologiques expérimentales. Ces informations sont à présent hiérarchisées et organisées dans des banques ou des bases de données biologiques.

Notre base de données facilite l'accès aux informations concernant les gènes de résistances du blé, elle rend publiques les séquences qui ont été déterminées, cette base de données contient 3 tables : la première table c'est pour les gènes de résistance à la rouille des feuilles et la deuxième table c'est pour les gènes de résistance à la rouille des tiges, et la dernière les gènes de résistance à la rouille des striées, chaque table contient les informations suivantes (la séquence, CDs, les amorces, le pourcentage GC, la fusion Tm, locus sur le chromosome, Germoplasme ,primer F, primer R, les conditions d'amplification...).

Elle a plusieurs avantages : facilité pour mettre à jour les données, vérifier leur intégrité, offrir une interface adaptée.

Pour rendre l'accès plus simple et plus facile, nous avons créé un site Web contenant des cartes de gènes de résistances du blé, chaque carte contient les mêmes informations dans la base de données.

Conclusion

Le blé peut être attaqué par de nombreuses maladies à différents stades de son développement (Maladies du pied, Maladies foliaires, Maladies de l'épi) que nous avons présenté dans le premier chapitre.

Ces attaques peuvent occasionner des pertes importantes lorsque les variétés utilisées sont sensibles et les conditions de l'environnement sont favorables à l'expansion des maladies.

Pour lutter contre les éventuels dommages liés à ces maladies, il existe chez le blé un système de défense impliquant des gènes de résistance, identifiés comme un composant clé qui codent pour des protéines cytosoliques ou membranaires qui détectent la présence de protéines pathogènes infectieuses.

Dans les programmes de sélection variétale pour le blé cultivé (*Triticum*), il est nécessaire d'utiliser la sélection assistée par marqueurs pour améliorer rapidement cette espèce contre les maladies fongiques, notamment la rouille (rouille jaune, rouille des feuilles et rouille des tiges) et plusieurs autres caractères agronomiquement importants.

De ce fait, il est important de reconnaître les gènes de résistance de chaque maladie. Pour cela nous avons réalisé une base de donnée avec une application web (GeneWheat) contient des informations concernant les gènes de résistance à la rouille des feuilles et à la rouille des tiges et à la rouille des striées, qui permet aux chercheurs dans le domaine du végétal d'extraire plus facilement toutes ces informations.

Références

Bibliographiques

- 1 **Abdi Y. (2015).** Distribution Spatiale Des Maladies Fongiques Du Ble Dur (Triticum Durum Desf.) Et Effet De La Fusariose Sur Le Rendement En Zones Semi-Arides De Setif. These De Magister En Agronomie P101.
- 2 **Agricultures Et Territoire. (2022).** Maladie Orge : Charbon Nu. [Http://Www.Bretagne.Synagri.Com/Synagri/Maladie-Orge-Charbon-Nu](http://Www.Bretagne.Synagri.Com/Synagri/Maladie-Orge-Charbon-Nu).
- 3 **Alam M.S., Nesa M.N., Khan S.K., Hossaim M.B. And Hoque A.(2007).** Varietal Differences On Yield Contributing Characters Of Wheat Under Diffirent Levels Of Nitrogen And Planting Methods. Journale Of Applied Sciences Research, 3(11) : 1388_1392.
- 4 **Alfredo M, Jeremy K, John Y, James B.** Identification And Control Of Powdery Mildew Of Wheat In Georgia.2014.N°2.
- 5 **Amrani B. (2013)** .Maladie : Methode Et Echelle De Notation Des Maladies Et Accidents Divers. Bulletin Des Grandes Cultures. Itgc. 02. P5.
- 6 **Anonyme.(2017).** Notice Technique, Protection Phytosanitaire Des Cereales:Profert P 32.
- 7 **Aouali S. And Douici-Khalfi A. (2009).** Recueil Des Principales Maladies Fongiques Des Cereales En Algerie : Symptomes, Developpement Et Moyens De Lutte ; Itgc, El Harrach, Alger. P56.
- 8 **Arvalis-Infos.Fr. (2016).** Fusarium Graminearum Progresse Dans Le Rachis. [Https://Www.Arvalis-Infos.Fr/Fusarium-Graminearum-Progresse-Dans-Le-Rachis-@/View-12820-Arvaricle.Html](https://Www.Arvalis-Infos.Fr/Fusarium-Graminearum-Progresse-Dans-Le-Rachis-@/View-12820-Arvaricle.Html)
- 9 **Bachirbey I. (2015).** Contribution A L’etude De L’effet De La Frequence D’irrigation Sur La Production Du Ble Dur Sur Des Sols Lourds En Zone Semi-Aride.
- 10 **Baily. R. (1980).** Guide Pratique De Defense Des Cultures. Reconnaissance Des Ennemis Notion De Protection Des Cultures.
- 11 **Basf. (2018).** La Septoriose Du Ble : Tache Foliaire. [Https://Www.Agro.Basf.Fr/Fr/Cultures/Ble/Maladies_Du_Ble/Septoriose_Du_Ble_Tache_Foliaire/](https://Www.Agro.Basf.Fr/Fr/Cultures/Ble/Maladies_Du_Ble/Septoriose_Du_Ble_Tache_Foliaire/)
- 12 **Basf. (2019).** La Rouille Jaune Du Ble. [Https://Www.Agro.Basf.Fr/Fr/Cultures/Ble/Maladies_Du_Ble/Rouille_Jaune_Du_Ble](https://Www.Agro.Basf.Fr/Fr/Cultures/Ble/Maladies_Du_Ble/Rouille_Jaune_Du_Ble)
- 13 **Basf. (2019).** Les Maladies Du Ble. [Https://Www.Agro.Basf.Fr/Fr/Cultures/Ble/Maladies_Du_Ble/](https://Www.Agro.Basf.Fr/Fr/Cultures/Ble/Maladies_Du_Ble/)
- 14 **Basf. (2019).** L’oidium Du Ble. [Https://Www.Agro.Basf.Fr/Fr/Cultures/Ble/Maladies_Du_Ble/Oidium_Du_Ble/](https://Www.Agro.Basf.Fr/Fr/Cultures/Ble/Maladies_Du_Ble/Oidium_Du_Ble/)
- 15 **Bayer-Agri.Fr. (2020).** La Carie Du Ble : Une Maladie De La Semence En Recrudescence. [Https://Www.Bayer-Agri.Fr/Cultures/La-Carie-Du-Ble-Une-Maladie-De-La-Semence-En-Recrudescence_3966/](https://Www.Bayer-Agri.Fr/Cultures/La-Carie-Du-Ble-Une-Maladie-De-La-Semence-En-Recrudescence_3966/).
- 16 **Bayer-Agri.Fr. (2020).**Pietin-Verse Du Ble Tendre Et De L’orge . [Https://Www.Bayer-Agri.Fr/Cultures/Pietin-Verse](https://Www.Bayer-Agri.Fr/Cultures/Pietin-Verse)
- 17 **Bednarek J. (2013).** Analyse Fonctionnelle De Tagw2, Une E3 Ligase De Type Ring, Dans Le Developpement Du Grain De Ble Tendre (Triticum Aestivum) Sciences Agricoles. Universite Blaise Pascal – Clermont Ferrand Ii, Français, P187.

- 18 **Behalil A., Seridi S.(2016)**. Evaluation De Trois Molecules Fongiques De Traitement De Semence L'espece Ble Tendre (Triticum Aestivum L) Variete Mawna.Memoire De Master. Faculte Des Sciences De La Nature Et De La Vie Et Des Sciences De La Terre Et De L'univers, Departement : Ecologie Et De Genie De L'environnement. Guelma P16.
- 19 **Ben Slimane R.(2011)**. Effets De La Septoriose Foliaire Sur La Senescence Et Les Flux D'azote Pendant Le Remplissage Des Grains Chez Le Ble Tendre Agronomie. Agroparistech, P187 P9.
- 20 **Benaziza Rabah.(2016)**. Etude Des Maladies Fongiques Des Bles (Triticum Durum Desf. Et Triticum Aestivum) Dans Le Perimetre Du Haut Cheliff, Zone De Djendel, Ain Lechiekh.Memoire De Master. Universite Djillali Bounama Khemis-Miliana.P15.
- 21 **Benderradji L. (2013)** .Selection In Vitro Pour La Tolerance Aux Stress Salin Et Thermique Chez Ble Tendre. Memoire Doctorat, Universite Constantine. P143.
- 22 **Benslimane H., Z. Bouznad, S. Aouali, A. Khalfi , K. Benbelkacem Et R. Sayoud :** Prevalence En Algerie De La Tache Bronzee Du Ble Cause Par Pyrenophora Tritici Repentis.
- 23 **Berube Me. (2010)**. Effet Du Gluphosate Sur La Fusariose De L'epi Chez Le Ble Et L'orge Selon Differents Travaux Du Sol, Memoire Pour L'obtention Du Grade De Maitre En Science, Universite Lavel, Qubec.P131
- 24 **Berube,M,,E .(2010)** : Effet Du Gluphosate Sur La Fusariose De L'epi Chez Le Ble Et L'orge Selon Differents Travaux Du Sol, Memoire Pour L'obtention Du Grade De Maitre En Science, Universite Lavel, Qubec.P131.
- 25 **Bouakaz K. Et Oussaid Y. (2013)**. Reconnaissances Et Identification Des Principales Maladies Cryptogamiques Du Ble Et De L'orge, Institut National De La Protection Des Vegetaux, P 31.
- 26 **Boudjemai Imane. (2020)**. Impact Des Maladies Foliaire Sur La Production Des Cereales Dans La Region De Tlemcen.Memoire De Master. Universite De Tlemcen.P36
- 27 **Boufelfel I, Selmani R. (2016)**. L'effet De Quatre Traitement De Semence Sur Le Ble Tendre (Variete Mawna).Memoire De Master. Universite 8 Mai 1945 Guelma.P17.
- 28 **Boulal H, Zaghouane O, El Mourid M, Rezgui S. (2007)**. Guide Pratique De La Conduite Des Cereales D'automne (Ble Et Orge) Dans Le Maghreb (Algerie ; Tunisie, Maroc), P176.
- 29 **Boulif., (2012)** .Gestion Integree Des Maladies Du Ble, Ecole Nationale D'agriculture De Meknes B.P. S/40 – Meknes. P12.
- 30 **Bruyere J. (2010)**. Recherche De Solutions Alternatives De Protection Des Semences De Ble Contre La Carie Commune Du Ble (Tilletia Sp).Afpp-Quatrieme Conference Internationale Sur Les Methodes Alternatives En Protection Des Lille-8,9 Et 10 Mars 2011.
- 31 **Chapman, G.P. (2009)**. Grass Evolution And Domestication. Grass Evolution And Domestication, Xviii + 390 Pp.
- 32 **Cohen-Boulakia, Sarah, Et Patrick Valduriez. (2016)** « Traitement De Donnees Bioinformatiques Massives (Big Data) ».

- 33 **Crop Science Algeria. (2021).**Maladies Fongiques Septoriose.
<https://www.cropscience.bayer.dz/fr-dz/cultures/problematique/maladies-fongiques-septoriose.html>
- 34 **Damien Imbs, Et Mohamed Sayed Hassan. (2017).**Bioinformatique: Travail D'étude. Université Nice Sophia Antipolis.
- 35 **Dangl, J. L. & Jones, J. D. G.(2001).**Plant Pathogens And Integrated Defence Responses To Infection. *Nature* 411, 826–833.
- 36 **Dardel, Frederic, Et François Kepes. (2002).** Bioinformatique : Genomique Et Post-Genomique. Editions Ecole Polytechnique.
- 37 **Debiton C. (2011).** Identification Des Critères Du Grain De Ble (*Triticum Aestivum* L.) Favorables A La Production De Bioethanol Par L'étude D'un Ensemble De Cultivars Et Par L'analyse Proteomique De Lignes Isogéniques Waxy.
- 38 **Diamond, J. (2002).** Evolution, Consequences And Future Of Plant And Animal Domestication. *Nature*, 418(6898) :700–707
- 39 **Djermoun A. (2009).** La Production Cerealiere En Algerie : Les Principales Caracteristiques. *Nature et Technologie*, (1), 45-53.
- 40 **Docplayer. (2015).** Le Pietin Verse Est De. Arvalis - Institut Du Vegetal.
<https://docplayer.fr/69452730-2015-Le-Pietin-Verse-Est-De-Arvalis-Institut-Du-Vegetal-Retour.html>
- 41 **Doumandji Doumandji-Mitiche, B. & Salaheddine, D.(2003).** Contribution A L'étude De L'activité Antifongique Et Antimycotoxigène Des Extraits Methanolique Et Aqueux Des Graines De *Citrullus Colocynthis* Sur La Croissance De Quelques Moisissures D'altération De Ble Tendre Stocké. These Magister. Université Kasdi Merbah-Ouargla. p3.
- 42 **El Hadj Hammiche, F. (2013).** Problematique. 1er Workshop International Sur La Fusariose Des Cereales En Algerie. Inpv Institut National De La Protection Des Vegetauxsyngenta.
- 43 **El Yousfi Brahim. (2015).** Guides Du Diagnostic Des Principales Maladies Des Cereales D'automne Au Maroc, Inra Crra De Settat-Laboratoire De Phytopathologie.
- 44 **Entofito . (2015).** Tilletia Caries. <http://www.entofito.com/hububatta-surme-hastalıklari-tilletia-spp/>
- 45 **Ezzahiri B. (2001).** Les Maladies Du Ble Identification, Facteurs De Developpement Et Methodes De Lutte. Transfert De Technologie En Agriculture. Bulletin Mensuel D'information Et De Liaison Du Pntta 77, P 4.
- 46 **Fu B., Chen Y., Li N., Ma H., Kong Z., Zhang L., Jia H. And Ma Z. (2013).** Pmx: A Recessive Powdery Mildew Resistance Gene At The Pm4 Locus Identified In Wheat Landrace Xiaohongpi. *Theoretical And Applied Genetics* 126 (4) : 913–921.
- 47 **Gambaro Sophie.** Lutte Contre La Carie Commune Du Ble : Quelles Pistes En Agriculture Biologique ?2017. P2
- 48 **Gembloux Agro-Bio Tech. (2018).** L'oidium. Gembloux.Ulg.Ac.Begembloux.Be
- 49 **Hennouni N. (2012).** Evaluation Du Metabolisme Respiratoire Et Enzymatique Des Racines De Ble Dur (*Triticum Durum* Desf) Issues De Plantes Infectees Par Les Maladies Cryptogamiques Et De Plantes Traitees Avec Un Fongicide (Artea Ec 330). Memoire.

- 50 **Hospital F.(2002).**The Use Of Molecular Genetics In The Improvement Of Agrecultural Population (Revue).Nat I.Rev.Gebet.3(1).P.22-32.
- 51 **Lauzon M, Dion Y, Rioux S. (2007)** .Fusariose De L'epi Chez Le Ble Et L'orge ; Cerom Saint-Bruno-De-Montarville, Bulletin Technique : Phytopathologie N° :2.1, P5.
- 52 **Livre Blanc Cereales.(2017).** Maladie Des Cereales. [Http://Www.Livre-Blanc-Cereales.Be/Thematiques/Maladies/](http://www.livre-blanc-cereales.be/thematiques/maladies/), (10/08/2018).
- 53 **Mahmoudia K. (2019).** Etude Bibliographique De L'impact De La Mycorhization De Ble Dur (Triticum Durum Desf.) En Agriculture De Conservation .Memoire De Master. Universite Mouloud Mammeri Tizi-Ouzou.P18
- 54 **Melki Mohcine. (2007).** Comportement Differentiel De Quelques Varietes De Ble Tendre (Triticum Aestivum L.) Vis-A-Vis Le Stress Hydrique.Memoire De Master. Universite Mohamed Boudiaf – M'sila .P11.
- 55 **Mellouki M, Salahi Z. (2018).**(Etude Du Comportement De Quelques Varietes De Ble Tendre Oasien (Triticum Aestivum L.) De La Region D'adras. Memoire De Master. Universite Ahmed Draïa Adrar.P12
- 56 **Moreau J.M.,(2011).** Lutte Contre Les Maladies. Livre Blanc « Cereales » Ulg Gembloux Agro-Bio Tech Et Cra-W.
- 57 **Nasraoui B. (2006.).** Les Champignons Parasites Des Plantes Cultivees, Biologie, Systematique, Pathologie, Maladies. Chapitre 4 : Maladies. 363-427. Centre De Publication Universitaire, Tunis.
- 58 **Ouanzar S. (2012).** Etude Comparative De L'effet Du Semis Direct Et Du Labour Conventionnel Sur Le Comportement Du Ble Dur (Triticum Durum Desf.). Memoire De Magistere, Universite Ferhat Abbas Setif, P70.
- 59 **Safer Tabi I,Rahmani Y. (2015).** Efficacite De Quelques Fongicides Sur Les Maladies Fongiques Du Ble Dur Transmises Par Les Semences. . Memoire De Master. Universite Mohamed Boudiaf De M'sila.P21
- 60 **Sahri S,Tabbakh I. (2019).**L'etude Des Champignons Phyto-Pathogenes Du Ble Tendre (Triticum Aestivum) De La Region De Bordj Bou Arreridj. Memoire De Master. Universite Mohamed El Bachir El Ibrahim B.B.A. برج بو عرييج.P18.
- 61 **Siouda B, Akmoum S.(2017).** Etude De La Relation Precipitation-Rendement En Grain Chez Quelques Cereales (Ble Dur, Ble Tendre Et L'orge Dans Quelques Regions Cerealieres De L'algerie (Setif, M'sila Et Batna).Memoire De Master. Universite Mohamed El Bachir El Ibrahim B.B.A. برج بو عرييج . P11.
- 62 **Slama A., Ben Salem M., Ben Naceur M., Zid E.D. (2005).**Les Cereales En Tunisie : Production, Effet De La Secheresse Et Mecanismes De Resistance. Institut National De La Recherche Agronomique De Tunisie (Inrat).
- 63 **Soltner. (2005)** .Etude De La Variabilite Morpho-Physiologique Et Moleculaire D'une Collection De Ble Dur Algerien (Triticum Durum Desf.).These Magistere. Faculte Des Sciences De La Nature Et De La Vie, Departement De Biologie Et Ecologie, Universite Mentouri, Constantine. Constantine.P9.
- 64 **Syngenta. (2022).** Helminthosporiose Du Ble.
[Https://Www.Syngenta.Fr/Traitements/Helminthosporiose-Du-Ble](https://www.syngenta.fr/traitements/helminthosporiose-du-ble)

- 65 **Syngenta. (2022).** Pietin Echaudage. <https://www.syngenta.fr/traitements/pietin-echaudage>
- 66 **Syngenta. (2022).** Rhizoctone Des Cereales. <https://www.syngenta.fr/traitements/rhizoctone-des-cereales>
- 67 **Tayeb Cherif N - Rebai S. (2013)** .Evaluation De Quelques Lignes De Ble Tendre (Triticum Aestivum) Dans La Region Semi-Aride De Setif .Memoire De Master. Universite De Bordj Bou Arreridj

Résumé

Le blé est l'une des principales cultures et le produit agricole le plus important dans le monde. Il est susceptible d'être attaqué par des maladies fongiques au niveau des racines (piétin échaudage), des tiges (piétin verse), des feuilles (rouilles, septoriose, oïdium) et des épis (fusariose). L'objectif du présent travail est de mettre au point une base de données à la disposition des chercheurs et sélectionneurs travaillant sur l'amélioration génétique de la résistance du blé aux maladies fongiques. La base de données Genewheat est une bibliothèque regroupant des informations génomiques sur les gènes de résistance aux principales maladies fongiques chez le blé. Les informations contenues dans cette base de données sont d'un grand intérêt pour la mise en œuvre des travaux de sélection et de création variétale.

Mots clés : Blé, Maladies fongiques, Base de données.

Abstract

Wheat is one of the main crops and the most important agricultural product in the world. It is susceptible to fungal diseases at the root (scald), stem (lodging), leaf (rust, septoria, powdery mildew) and ear (fusarium) levels. The objective of the present work is to develop a database available to researchers and breeders working on the genetic improvement of wheat resistance to fungal diseases. The Genewheat database is a library of genomic information on genes for resistance to major fungal diseases in wheat. The information contained in this database is of great interest for the implementation of selection and breeding work.

Key words: Wheat, Fungal diseases, Database.

الملخص

القمح هو أحد المحاصيل الرئيسية وأهم منتج زراعي في العالم. من المحتمل أن تتعرض للهجوم من قبل الأمراض الفطرية على مستوى الجذور (الحرق الشامل) ، السيقان (تعفن العين) ، الأوراق (الصدأ ، الحاجز الدهني ، البياض الدقيقي) والأذنين (الفيوزاريوم) الهدف من هذا العمل هو تطوير قاعدة بيانات متاحة للباحثين والمربين العاملين على التحسين الوراثي لمقاومة القمح للأمراض الفطرية. قاعدة بيانات Genewheat هي مكتبة للمعلومات الجينومية حول الجينات المقاومة للأمراض الفطرية الرئيسية في القمح. المعلومات الواردة في قاعدة البيانات هذه ذات أهمية كبيرة لتنفيذ أعمال التربية وخلق الأصناف.

الكلمات المفتاحية: قمح ، أمراض فطرية ، قاعدة بيانات.

Année universitaire : 2021-2022

**Présenté par : BELBACHER Ikhlas Fatima
BENLAHRECHE Malak**

Mise au point d'une base de données pour l'étude génétique des maladies fongiques chez le blé

Mémoire pour l'obtention du diplôme de Master en Bioinformatique

Le blé est l'une des principales cultures et le produit agricole le plus important dans le monde. Il est susceptible d'être attaqué par des maladies fongiques au niveau des racines (piétin échaudage), des tiges (piétin verse), des feuilles (rouilles, septoriose, oïdium) et des épis (fusariose).

L'objectif du présent travail est de mettre au point une base de données à la disposition des chercheurs et sélectionneurs travaillant sur l'amélioration génétique de la résistance du blé aux maladies fongiques.

La base de données Genewheat est une bibliothèque regroupant des informations génomiques sur les gènes de résistance aux principales maladies fongiques chez le blé.

Les informations contenues dans cette base de données sont d'un grand intérêt pour la mise en œuvre des travaux de sélection et de création variétale.

Mots-clefs : Blé, Maladies fongiques, Base de données.

Encadreur : Dr. TEMAGOULT M (M.A.A - Université Frères Mentouri, Constantine 1).

Examineur 1 : Dr. KELLOU K (M.A.A - Université Frères Mentouri, Constantine 1).

Examineur 2 : Dr. DAAS M.S (M.C.A - Université Frères Mentouri, Constantine 1).