

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية
RÉPUBLIQUE ALGÉRIENNE DÉMOCRATIQUE ET POPULAIRE

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

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



جامعة الاخوة منتوري قسنطينة
كلية علوم الطبيعة والحياة

**Département : Biologie et Ecologie Végétale
(Filière Sciences Biologiques)**

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

Domaine : Sciences de la Nature et de la Vie

(Filière : Sciences Biologiques)

Spécialité : Biologie et Génomique Végétales

Intitulé :

**Recherche *in silico* et conception d'amorce des gènes de tolérance
au stress abiotique chez le blé**

Présenté et soutenu par : Lezzar Houssemlotfi

Le : 15/06/2015

Meziani Abdallah

Jury d'évaluation :

Président du jury : Kellou Kamel MAA UFM .Constantine

Rapporteur : Bousba Ratiba MCA UFM .Constantine

Examineurs : Mouellef Adra MAA UFM .Constantine

*Année universitaire
2014 – 2015*

Remerciement

Nous tenons à remercier notre encadreur Mme : (BOUSBA Ratiba), pour ses précieux conseils et l'orientation du travail durant toute sa réalisation.

Nos remerciements vont également à tous les enseignants durant les années d'études.

Nos plus vifs remerciements vont également aux membres du jury

Monsieur le président de jury Kellou Kamel, et membre de jury Mme Mouellef Adra pour l'intérêt qu'ils ont porté à nos recherches en acceptant d'examiner nos travaux et de les enrichir par leurs propositions.

Nous n'oublions pas nos parents pour leur contribution, leur soutien et leur patience.

Enfin, nous remercions toutes les personnes qui ont participé de près ou de loin à la réalisation de ce travail.

Merci à toutes et à tous.

Dédicace

A nos parents, les deux êtres les plus chers de nos existence. Merci de nous avoir appris que dans ce monde, « Rien n'est impossible, qu'il suffit juste d'y croire et de se donner la peine d'y parvenir ».

MEZIANI ABDALLAH

LEZZAR HOUSSEM

Abstract

The abiotic stress affects the performance of plants including cereals (wheat); several techniques have been used throughout history (mass selection, genealogic selection, *in vitro*, *in vivo* ...). A new branch of biology was established namely *in silico* approach the aim is that the recherches of laboratories are processed and grouped into databases most of which are available to all biologists.

This work aims to find genes for resistance to abiotic stress by *in silico* and primer design.

In this research several genes have been identified with the designation of thirty-five primers relatif of these genes. These data will be used as the database used in research laboratories.

Keywords: wheat, abiotic stress, *in silico*, primer design.

ملخص

الاعجاءد اللاحوي من المشكلاا الاء تصيب محصول النبااا خاصة محصول الالبوب (القمح) واء اساءملاء اءة نااااا عبر الزمن مائل (ااءار الشامل .نااااا جاناالواجاء .الزرااة في المااار) وانشى فرع آء اء من علم الالاء و بالاءااا في سالاااا بءاف القباا بمعالاة المءلوماا و آمع ٤. في بناك المءطااا لاءصاا في مائاول آمع باااا علم الالاء اءاءف هءه الااااا للءاور على جاناا مقاءاة الالاء اللاحوي عن ااااا الباء في السالاااا و تصمما من الاءض الراءا مئاوص الالسااااا في هءا الباء و ام اءااا الء اء من الجاناا مع اعاا آمساة و الائاا قاءاة من الاءض الراءا مئاوص الالسااااا ممالاة لهءه الجاناا و سول اءساءم هءه البانااا في قاءاة بباااا و الاء امكن اساءاااها في ماااااا الباء.

SOMMAIRE

INTRODUCTION

CHAPITRE 1 : LE BLE

1-Description botanique.....	03
1.1. Systématique.....	04
2-L'importance de la culture du blé dans le monde.....	04
2-1-Production mondial.....	05
3-Le blé en Algér.....	06
3.1. Production.....	07
3.2. Consommation.....	07
4-La culture du blé dur.....	08
5- Les effets des stress abiotiques sur la plante.....	08
5.1. Notion de stress.....	08
5.2. Stress abiotiques.....	09
5.3.Le stress hydrique.....	09
5.4. Le stress thermique.....	10
5.5. Le stress salin.....	10
6. Les exigences agro écologiques.....	11
6-1- L'eau.....	11
6-2- Le sol.....	11
6-3- La température.....	11
6-4- La photopériode.....	11

6-5- Les potentialités des zones agro écologiques.....	12
--	----

CHAPITRE 2 : LA BIOINFORMATIQUE

1-Histoire	13
2-Définition de la bioinformatique.....	13
3-Qu'est-ce que la bioinformatique.....	13
4- Principaux acteurs.....	14
5-Domaine d'utilisation de la bioinformatique.....	15
6-Objectifs -Enjeux de la bioinformatique structurale.....	16
7-Méthodes en bioinformatique moléculaire.....	16
8-Domains d'applications.....	17
9-Vision «immergée» de la Bioinformatique.....	18
10-Généralité sur les bases de données.....	19
11-Banques et basses de données biologiques.....	19
11.1. base de données	19
11.2. Les banques de séquences généralistes.....	21
11.3. banques de séquence nucléiques.....	21
11.4. banques protéiques.....	21
11.4.1. Bases de données nucléiques.....	22
11.4.2. Bases de données protéiques.....	23
12- Les outils de la bioinformatique.....	24

CHAPITRE 3 : METHODOLOGIE DE TRVAIL

RESULTATS

1-Les résultats de la recherche <i>in silico</i> des gènes du blé induits par le stress abiotique.....	27
2-discussion.....	32
2- Résultats de conception d'amorces.....	33
CONCLUSION	37
Références bibliographiques	38
ANNEXES	44

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 1 :marche mondial du blé.....	05
Tableau 2 : Consommation de blé, en kg, par an	07
Tableau 3 :les outils de la bioinformatique.....	24
Tableau 4 :gènes induit par le stress abiotique chez le blé.....	28
Tableau 5 :résumé des éléments de DHN de blé.....	30
Tableau 6 : conception d’amorce.....	33

LISTE DES FIGURES

Figure 1 : Production mondiale du blé (F.A.O,2013).....	06
Figure 2 : Les zones céréalières potentielles et les aires de production en Algérie.....	12
Figure 3 : domaine d'utilisation de la bioinformatique.....	15

LISTE DES ABREVIATIONS

AP2	Apetala2
BD	Bases de Données
CBF	CRT- binding factor
CDPK	Protéines Kinases Dépendantes du Calcium
COR	Cold-regulated
CRT	C- repeat
DDBJ	DNA Data Bank of Japan
DRE	Dehydration responsive element
DREB	DRE binding protein
EBI	European Bioinformatique Institue
EMBL	European Molecular Biology Laboratory
EREBP	Ethylene responsive element binding protein
ERF	Ethylene responsive element binding factor
F.A.O	Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture
FT	Facteur de transcription
HSPs	Heat Shock proteins
LEA	Late Embryogenesis abundant
MAPKs	Mitogen- activated protein Kinases
PCR	Polymerase Chain Reaction
PDB	Protein Data Bank
SGBD	Système de Gestion de Bases de Données
T _m	Température de fusion

Introduction

Introduction

Les céréales apparaissent dès l'origine de l'agriculture, plusieurs millénaires avant notre ère. Elles sont étroitement liées à l'histoire et au développement des civilisations, qu'elles contribuent à caractériser à travers de régimes alimentaires marqués par la culture et la consommation d'une céréale donnée.

Le blé, le riz et les céréales en général sont le plus souvent consommés directement par les humains. Dans les pays riches, l'orge et le maïs servent largement à la nourriture des animaux (principalement des volailles et des porcs). **(Anonyme A 2013)**.

Pratiquement toute la population consomme du blé en raison de son bon goût, d'une bonne assimilation par l'organisme, sa grande valeur nutritive, et sa teneur en protéines comme les protéines du gluten qui confèrent à la pâte ses propriétés de ténacité, d'élasticité et d'extensibilité, localisés principalement dans l'albumen, il s'agit des prolamines (40 à 50%) et des glutamines (30% à 40 %).**(Anonyme A 2013)**

Cependant cette culture n'est pas de bonne qualité, ou de haut rendement, elle dépend beaucoup plus de leur environnement, tel que le stress hydrique qui est le principal facteur limitant de la culture céréalière dans le sud du bassin méditerranéen, En plus, pour la sécheresse (et les autres stress abiotiques), le transfert de la résistance par les approches traditionnelles est limité par la complexité des caractéristiques de tolérance

Plusieurs techniques ont été utilisées à travers l'histoire, afin d'améliorer le blé (Sélection Massale, Sélection Généalogique, Bakcross, In vitro...). L'évolution de la biologie des dix dernières années montre qu'à côté des approches classiques in vivo et in vitro, une troisième approche s'est imposée, à savoir in silico, plus couramment appelée bioinformatique. **(Araus et all., 2003)**

La bioinformatique est un champ de recherche multidisciplinaire où travaillent de concert biologistes, médecins, informaticiens, mathématiciens, physiciens et bioinformaticiens, dans le but de résoudre un problème scientifique posé par la biologie.

Depuis quelques années les progrès de l'informatique (et en particulier de la bioinformatique mise au service de la biodiversité ou « *Biodiversité informatiques* » pour les anglophones) dopent la biologie évolutive en offrant aux chercheurs un accès à un nombre

Introduction

croissant de données sur la diversité et les variations des gènes, ainsi que des génomes, des organismes et de l'environnement en général.

Dans ce contexte l'objectif de ce travail est la recherche des gènes de résistance à un stress abiotique par la recherche *in silico* et l'interrogation de bases de données spécialisées (Genbank) et désignation d'amorce par le logiciel Primer3 des gènes de résistances au stress abiotique qui serviront comme base de données utilisée dans des laboratoires de biotechnologie et d'amélioration des plantes.

Chapitre 1 : le blé

1-Description botanique

Le blé dur (*Triticum turgidum ssp. durum*) est une Monocotylédone de la famille des Graminées, de la tribu des Triticées et du genre *Triticum*. En termes de production commerciale et d'alimentation humaine, cette espèce est la deuxième plus importante du genre *Triticum* après le blé tendre (*Triticum aestivum*L.). Il s'agit d'une graminée annuelle de hauteur moyenne et dont le limbe des feuilles est aplati. (Peterson,1965)

L'inflorescence en épi terminal se compose de fleurs (Bozzini, 1988). Le système racinaire comprend des racines séminales produites par la plantule durant la levée, ainsi que des racines adventives qui se forment plus tard à partir des nœuds à la base de la plante et constituent le système racinaire permanent. Le blé dur possède une tige cylindrique, dressée, habituellement creuse et subdivisée en entre nœuds. Certaines variétés possèdent toutefois des tiges pleines (Clarke *et al.*, 2002). Le chaume (talles) se forme à partir de bourgeons axillaires aux nœuds à la base de la tige principale. Le nombre de brins dépend de la variété, des conditions de croissance et de la densité de plantation. Dans des conditions normales, une plante peut produire en tout trois brins en plus de la tige principale, mais tous ne grènent pas nécessairement (Bozzini, 1988).

Comme pour d'autres graminées, les feuilles de blé dur se composent d'une base (gaine) entourant la tige, d'une partie terminale qui s'aligne avec les nervures parallèles et d'une extrémité pointue. Au point d'attache de la gaine de la feuille se trouve une membrane mince et transparente (ligule) comportant deux petits appendices latéraux (oreillettes). La tige principale et chaque brin portent une inflorescence en épi terminal. L'inflorescence du blé dur est un épi muni d'un rachis portant des épillets séparés par de courts entre nœuds. (Bozzini, 1988).

Chaque épillet compte deux glumes (bractées) renfermant de deux à cinq fleurs distiques sur une rachéole. Chaque fleur parfaite est enfermée dans des structures assemblables à des bractées, soit la glumelle inférieure (lemma ou lemme) et la glumelle supérieure (paléa). Chacune compte trois étamines à anthères biloculaires, ainsi qu'un pistil à deux styles à stigmates plumeux. À maturité, le grain de pollen fusiforme contient habituellement trois noyaux.

Chaque fleur peut produire un fruit à une seule graine, soit le caryopse. Chaque graine contient un large endosperme et un embryon aplati situé à l'apex de la graine et à proximité de la base de la fleur.(Bozzini, 1988).

1. 1 Systématique

Le blé est une plante autogame appartenant au groupe des céréales à paille qui sont caractérisées par des critères morphologiques particuliers.

D'après Dekhil (1998) qui a indiqué que Dahlgren et Clifford (1985) ont proposé la classification suivante :

EMB	Spermaphytes
S / EMB	Angiospermes
CL	Monocotylédones
O	Poales
S / O	Commeliniflorales
F	Graminaceae OU Poaceae
G	<i>Triticum sp</i>

2-L'importance de la culture du blé dans le monde

Un peu moins de riz et de maïs en 2012-13, un peu plus de soja : la production mondiale de blé est attendue en baisse de 5,2 % en 2012, ce qui la ramènerait à 663 Mt. L'Europe en fournirait 194,9 Mt (contre 223,5 Mt en 2011), dont 134 Mt pour la seule UE (137,6 Mt en 2011). La production mondiale de céréales secondaires fléchirait, pour sa part, de 2,3 % en 2012.

La FAO pronostique « une réduction significative des stocks céréaliers mondiaux à la clôture des campagnes en 2013 (baisse de 28 Mt pour atteindre 499 Mt. La production a été affectée par la sécheresse dans les principales régions productrices, notamment les Etats-Unis, l'Europe et l'Asie centrale ».

Le bilan céréalier n'avait été malmené dans l'hémisphère nord par la sécheresse du siècle aux Etats-Unis, et par une nouvelle sécheresse en Russie. Et voilà que, dans l'hémisphère sud, le manque d'eau menace cette fois la récolte de blé en Australie, le troisième exportateur mondial ! Alors que les stocks, en Europe, cette fois, sont au plus bas depuis 1960 !

Chapitre 1 : le blé

Le potentiel mondial de blé exportable se rétrécit de jour en jour. Alors même que les quantités de blé destinées à l'alimentation animale progressent parce que le maïs est encore plus rare cette année. (Anonyme B 2013).

2-1-Production mondiale

Sur la scène mondiale La production mondiale de blé pour la campagne 2011-12 sera de 672 millions de tonnes selon le département américain de l'agriculture en juillet 2011 (USDA), soit plus de 21 300 kilos de blé produits chaque seconde ou 1,8 milliards de kilos de blé par jour.(Anonyme B 2013)

L'USDA prévoit une production mondiale de blé de 653 millions de tonnes (Mt) en 2012-13, contre 658,7 Mt attendues en septembre (695,7 Mt récoltées en 2011-12) et 672 Mt en 2010.(Anonyme B2013)

Tableau 1 : marche mondial du blé

(F.A.O,2013)

Marché mondial du blé						
	2010/11	2011/12	2012/13	2013/14 estimation	2014/15 prévision	
					précédente (11 déc 2014)	dernière (05 fév 2015)
<i>(..... millions de tonnes)</i>						
Production¹	653.8	702.1	659.9	715.5	724.9	724.3
Disponibilités²	843.6	886.7	840.4	873.9	900.2	899.2
Utilisation	659.9	698.6	686.7	687.3	703.8	702.0
Commerce³	128.0	148.2	141.8	156.6	150.0	151.0
Stocks de clôture⁴	184.6	180.5	158.4	174.9	192.7	192.3
<i>(..... pour cent)</i>						
Rapport stocks mondiaux- utilisation	26.4	26.3	23.1	24.9	27.0	27.0
Rapport stocks des princi- paux exportateurs- utiliza- tion totale⁵	20.7	18.0	14.1	14.0	16.0	15.7

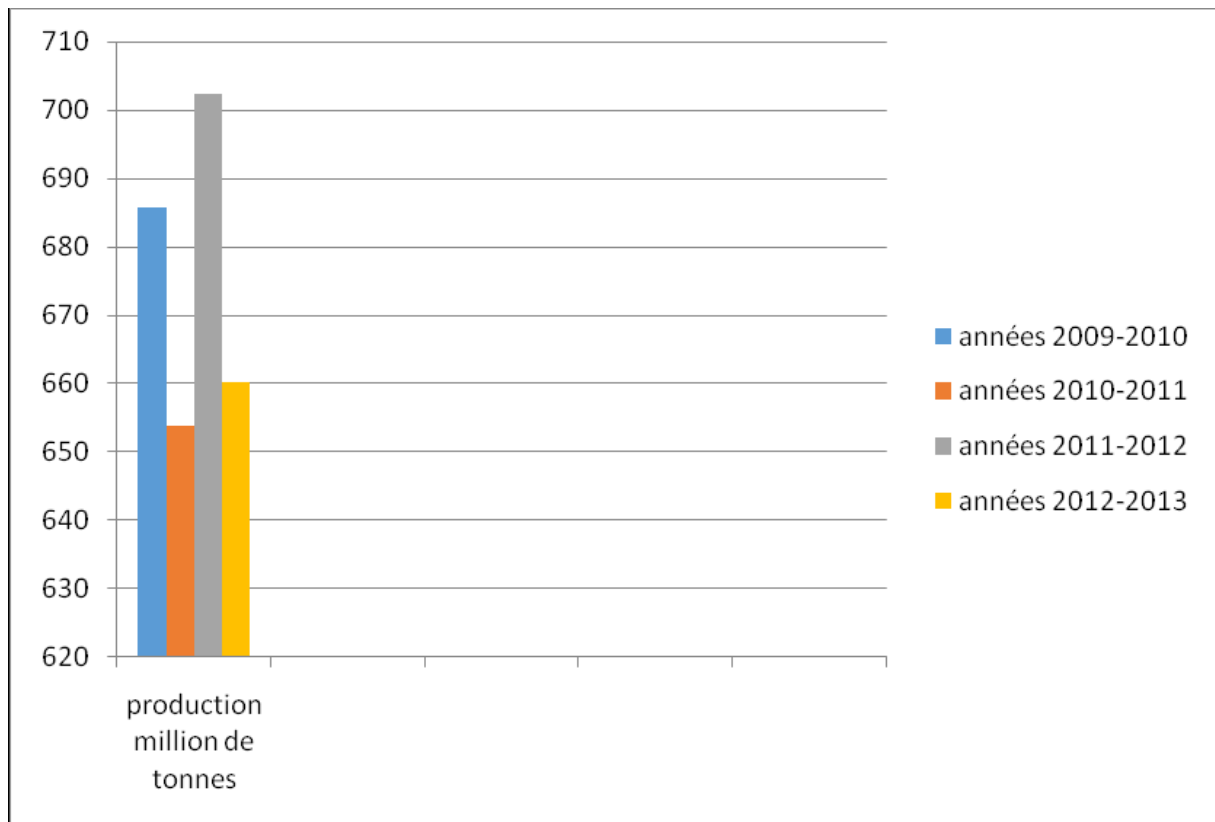


Figure 1: Production mondiale du blé (F.A.O, 2013)

3-Le blé en Algérie

L'Algérie, qui est le premier importateur mondial de blé dur (1,7 million de tonnes), en dehors de l'Italie, et le 5^{ème} en blé tendre (4,3 millions de tonnes), fait l'essentiel de son marché en France, qui détient 35% du marché algérien en blé dur et jusqu'à 85% en blé tendre. Des chiffres qui placent la France en position de quasi-monopole ; marché dominé, auparavant par le blé russe et ukrainien. Une reconfiguration de la carte géographique des fournisseurs de l'Algérie qui a graduellement changé depuis la campagne 2007-2008, qui a vu l'Australie réduire de moitié sa production de blé et les prix des céréales de connaître des cimes jamais égalées. **.(Anonyme C 2013).**

Les opérateurs privés algériens n'arrivant plus à suivre la nervosité du marché et à assumer la courbe ascendante du blé ont poussé l'état, à travers l'Office algérien interprofessionnel des céréales (OAIC), à s'investir totalement dans l'importation.

Chapitre 1 : le blé

Le nouveau cahier des charges imposé par l'OAIC, mettant l'accent sur le pourcentage de punaises (graines piquées par les insectes), a éliminé de facto la Russie et l'Ukraine de la liste des fournisseurs de l'Algérie. La France, de par sa proximité géographique et historique, devenait ainsi le premier bénéficiaire de cette nouvelle affaire en s'adaptant aux exigences des industriels algériens et en garantissant une logistique portuaire sans faille. (Anonyme C 2013).

3.1 Production

La production de blé sera plutôt bonne, selon les prévisions du ministère de l'Agriculture. Benaïssa en 2013 dit que la production de blé pour cette saison devra être légèrement supérieure à celle de la saison de 2012.

Pour rappel la saison dernière (2012) la production céréalière algérienne a été estimée à près de 55 millions quintaux (Benaïssa., 2013) et cette saison (2013) la quantité record était de 61 millions de quintaux. En termes de performance, l'Algérie a produit un volume record de céréale, en 2009, dépassant le seuil de 61 millions de quintaux.

Le rendement moyen des cultures sur 135 ans (1876-2011), caractérise un BD dont la moyenne est de 6,3 q/ha. Ce du BT est 7,6, q/ha en relation avec des productions plus faibles.

3.2 Consommation

Selon une étude menée par le bureau Algérie Consultations internationales, un algérien consomme, en moyenne 240 kg de blé par an.

Tableau 2 : Consommation de blé, en kg, par an

L'année	05/06	06/07	07/08	08/09	09/10	10/11	11/12	12/13	13/14
Consommation (kg)	232	238	239	240	241	242	243	243	244

Source : Anonyme a (2014).

4-La culture du blé dur

Le blé dur est bien adapté aux régions à climat relativement sec, où il fait chaud le jour et frais la nuit durant la période végétative, ce qui est typique des climats méditerranéens et tempérés (Amokrane, 2002).

La plus grande partie du blé dur produit dans le monde est constituée de blé de printemps; toutefois, il existe des variétés de blé dur d'hiver (qui ont besoin de vernalisation pour amorcer la transition de la phase végétative à la phase reproductrice); ces variétés ont été évaluées en vue de la production dans le Sud des États-Unis (Donmez *et al.*, 2000).

Le cycle biologique du blé est une succession de périodes subdivisées en phases et en stades.

- L'échelle de Jonard et Koller, (1950) utilisée pour reconnaître les stades par des changements d'aspect externe (Levée - Montaison).
- L'échelle de Zadoks *et al.*, (1974) utilisée pour reconnaître les stades par des modifications d'aspect interne (Différentiation de l'épi : Stade épi 1 cm). (Gate, 1995).

5- Les effets des stress abiotiques sur la plante

5-1-Notion de stress

Selon les définitions, le stress chez les plantes apparaît avec des significations différentes en biologie, qui convergent principalement en attribuant le stress à n'importe quel facteur environnemental défavorable pour une plante (Levitt, 1982).

Tsimilli-Michael *et al.*, (1998) considèrent que le stress a une signification relative, avec un contrôle comme état de référence, ils considèrent le stress comme une déviation du contrôle à une contrainte.

Selon Jones *et al.*, (1989), un stress désigne à la fois l'action d'un agent agresseur et les réactions qu'il entraîne dans l'organisme agressé, une force qui tend à inhiber les systèmes normaux.

D'autre part, les stress environnementaux nés de la fluctuation des facteurs abiotiques (sécheresse, salinité, température et le froid) affectent les conditions de croissance, le développement et le rendement des plantes (**Madhava Rao *et al.*, 2006**).

5-2- Stress abiotiques

Les maladies non parasitaires (également appelées maladies physiologiques ou abiotiques) désignent les perturbations du métabolisme, les retards de croissance ou les anomalies du développement résultant de causes altérogènes abiotiques.

Les facteurs abiotiques qui affectent le rendement et la qualité du grain de blé sont principalement les accidents climatiques (la température et l'amplitude de variations, l'eau et sa disponibilité relative, le vent et la lumière, sécheresse, salinité, etc.). D'autres maladies abiotiques connaissent une extension récente : réactions aux polluants atmosphériques, aux pesticides, aux déséquilibres trophiques. (**Madhava Rao *et al.*, 2006**).

5-3- Le stress hydrique

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

Passioura (2004) définit le déficit hydrique comme étant les circonstances dans lesquelles les plantes accusent une réduction de croissance et de production suite à une alimentation hydrique insuffisante.

Le déficit hydrique induit le dépôt de cire sur le limbe et la gaine de certaines variétés de céréales. Ce dépôt est d'autant plus marqué que l'environnement est plus sec. L'inflorescence des céréales est relativement protégée de l'évaporation par des surfaces protectrices comme une cuticule épaisse qui fait que le statut hydrique des inflorescences est meilleur que celui des feuilles (**Shepherd et Griffiths, 2006**).

Le déficit hydrique provoque la réduction du nombre de grain par épi, du nombre d'épis par plant, du poids moyen du grain, de l'indice de récolte et du rendement grain (**Chenafi *et al.*, 2006**).

Sous stress hydrique, la matière sèche augmente progressivement, mais elle reste sous le seuil de 50%, comparativement à l'évolution de la matière sèche du témoin non stressé. Cette réduction est assez conséquente pour affecter significativement le rendement grain **(Bouzerzour et Benmahammed, 2009)**.

Le déficit hydrique affecte significativement les composantes du rendement. Le rapport poids des racines/ poids des tiges augmente chez les plantes exposées au déficit hydrique, à cause de la croissance racinaire au détriment de la partie aérienne **(Benmahammed et al., 2008)**. Parmi les solutés, accumulés sous stress hydrique, on note une augmentation des sucres solubles, des acides aminés comme la proline et à un degré moindre la glycine- bêtaïne, dont le rôle est la protection des membranes **(Hussain, 2006)**.

5-4- Le stress thermique

Le seuil mis en cause dans le cas du stress des hautes températures est variable en fonction du stage végétatif de la plante et de l'interaction avec le stress hydrique.

(Rawson et al., 1993) montre que l'effet pénalisant de l'élévation de la température est surtout dû au fait que la plante n'arrive pas à absorber les éléments nutritifs et l'eau, et les utiliser, au rythme imposé par le stress thermique. On note une réduction du nombre de plantes levées par unité de surface, suite aux effets des hautes températures lors de la période du semis. L'effet des hautes températures au semis se matérialise par une réduction de la longueur de la coléoptile. La plante ne peut, alors, s'ancrer en profondeur et devient sensible aux effets du stress thermique.

(Hauchinal et al., 1993) observent une réduction du rendement grain des semis tardifs, liée à une diminution du nombre d'épis et du poids moyen du grain, causée par les effets des hautes températures en fin de cycle. Ils notent aussi que l'effet pénalisant du stress thermique se matérialise par une accélération du développement et une réduction des dimensions des organes constitutifs de la plante. La résultante est un effet négatif sur la productivité globale de la plante.

5-5- Le stress salin

(Munns et al., 2006) mentionnent que le feuillage du blé, l'orge soumise au stress salin est affecté dès l'imposition du stress par l'effet du manque d'eau et non par l'effet ionique du sel. Les effets ioniques ne sont visibles qu'une semaine à 10 jours après imposition du stress salin. Dans le cas où le niveau de stress est intense et que la plante possède une faible capacité

d'exclusion des ions mis en cause (Na^+ et Cl^-) les effets apparaissent sur les feuilles âgées où les ions Na^+ et/ou Cl^- s'accumulent dans le cytoplasme et induisent l'inhibition enzymatique. Ils affectent aussi la structure de la membrane, déshydratent la cellule après que la vacuole soit fortement concentrée. Les mécanismes contrôlant la tolérance sont de deux types: ceux minimisant l'entrée des ions toxiques et ceux minimisant l'accumulation des ions toxiques dans le cytoplasme. Les espèces halophytes possèdent les deux mécanismes. Elles excluent les ions toxiques et les compartimentent aussi dans la vacuole où ils font le moins de dégâts.

La salinité devient de plus en plus un important facteur limitant la production des végétaux dans les zones arides et semi arides. La tolérance à ce type de stress est considérée comme une caractéristique quantitative sous contrôle génétique de gènes mineurs (**Cuin *et al.*, 2008**).

6- Les exigences agro écologiques

L'influence du climat est un facteur déterminant à certaines périodes de la vie du blé.

6-1- L'eau : Les blés ont des besoins en eau d'environ 550 mm en moyenne au cours de leur cycle de développement. L'eau est un facteur limitant de la croissance du blé.

C'est de la phase épi 1Cm à la floraison que les besoins en eau sont les plus importants. La période critique en eau se situe 20 jours avant l'épiaison jusqu'à 30 à 35 jours après la floraison (Loue., 1982 in Mihoub., 2008).

6-2- Le sol : L'espèce blé prospère sur une gamme assez variée de sols et l'optimum semble être des terres neutres, profondes et de texture équilibrée. En sol peu profond, le rendement en grain des céréales est pénalisé (El Mourid *et al.*, 1992).

6-3- La température : Une température supérieure à 0° C est exigée pour la germination. Pour les variétés de blé d'hiver, un abaissement de la température pendant l'hiver est nécessaire. Par la suite, la température conditionne la nitrification et l'activité végétative du blé au cours du tallage et de montaison (Soltner., 1999 in Bouchoukh., 2006).

6-4- La photopériode : La lumière est le facteur qui agit directement sur le bon fonctionnement de la photosynthèse et le comportement du blé. Un bon tallage est garanti, si le blé est placé dans les conditions optimales d'éclairement (Soltner., 1988 in Mihoub., 2008).

6-5- Les potentialités des zones agro écologiques : Les potentialités des différentes espèces de céréales d'automne varient en fonction des conditions édapho-climatiques de chaque

région. En effet, l'ensemble des pays du Maghreb est caractérisé par quatre grandes zones agro-climatiques :

- Zone aride
- Zone semi-aride
- Zone subhumide
- Zone humide

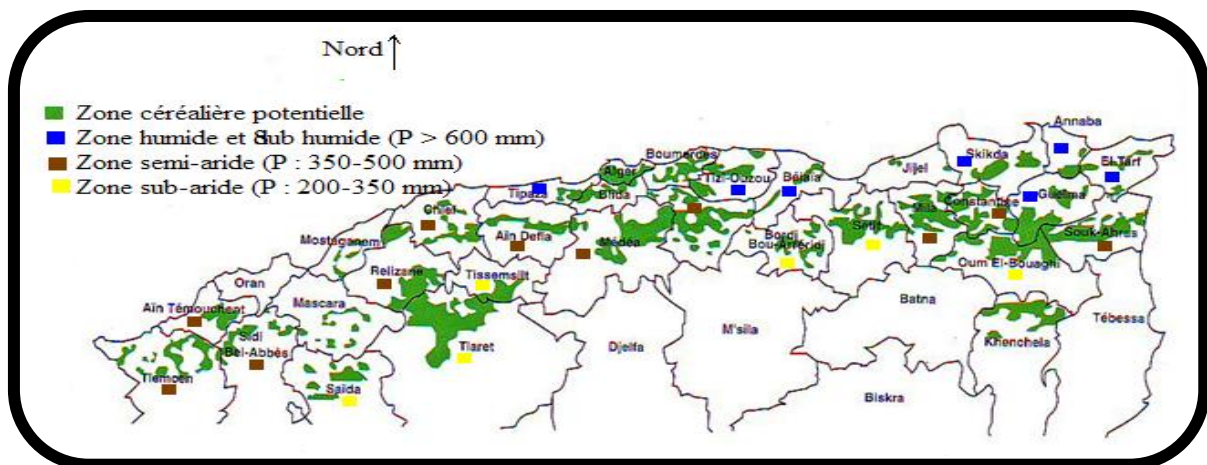


Figure 2 : Les zones céréalières potentielles et les aires de production en Algérie.

Source : Baghdadli (1987) in Benbelkacem (1997)

Les résultats de production à travers l'ensemble des régions montrent un gradient croissant des niveaux de productivité des céréales du Sud vers le Nord. De plus, au niveau de chaque zone, des fluctuations importantes peuvent survenir à cause des aléas climatique puisque la majorité de ces cultures y est conduite en pluvial (Boulal *et al.*, 2007).

Chapitre 2 :
la bioinformatique

1-Histoire du terme bioinformatique :

Le terme de bioinformatique date du début des années 80. Cependant, le concept sous-jacent de traitement de l'information biologique est bien plus vieux. Durant les années 60, la biologie moléculaire a eu besoin de modélisation formelle, ce qui a mené à la création de la biomathématique.

L'apparition de la bioinformatique n'est donc pas une conséquence de la génomique (séquençage d'un génome et son interprétation), mais plutôt une de ses fondations.

2-Définition de la bioinformatique:

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

-Un domaine de recherche qui analyse et interprète des données biologiques, au moyen de méthodes informatiques, afin de créer de nouvelles connaissances en biologie.

en anglais : distinction entre « Bioinformatics » et « Computational Biology »

« Bioinformatics »

applique des algorithmes, modèles statistiques dont l'objectif d'interpréter, classer et comprendre des données biologiques.

« Computational Biology »

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

3- Qu'est-ce que la bioinformatique ?

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

1-Acquisition et organisation des données biologiques

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

3-Analyse des résultats roduits par les logiciels

Lors de sa création, la bioinformatique correspondait à l'utilisation de l'informatique pour stocker et analyser les données de la biologie moléculaire. (Isabelle Quinkal ;2014)

Chapitre 2 : la bioinformatique

-Cette définition originale a maintenant été étendue et le terme bioinformatique est souvent associé à l'utilisation de l'informatique pour résoudre les problèmes scientifiques posés par la biologie dans son ensemble. Il s'agit dans tous les cas d'un champ de recherche.

Multidisciplinaire qui associe informaticiens, mathématiciens, physicien et biologistes.

-La bioinformatique est constituée par l'ensemble des concepts et des techniques nécessaires à l'interprétation de l'information génétique (séquences) et structurale (repliement 3-D). C'est le décodage de la "bioinformation" ("ComputationalBiology" en anglais).

-La bioinformatique est donc une branche théorique de la Biologie. Son but, comme tout volet théorique d'une discipline, est d'effectuer la synthèse des données disponibles (à l'aide de modèles et de théories), d'énoncer des hypothèses généralisatrices (ex. : comment les protéines se replient ou comment les espèces évoluent), et de formuler, des prédictions ex. : localiser ou prédire la fonction d'un gène). (**Jean-Michel Claverie ;2013**)

4- Principaux acteurs

Les trois principaux acteurs dans le domaine de la bio-informatique sont les Etats-Unis, le Japon et le Royaume-uni. Pour prendre un exemple, en 2001, on pouvait compter dans le monde près de 400 entreprises spécialisées en bio-informatique, et elles se situaient presque toutes dans ces trois pays. Les autres pays : Canada, la France. (**Boukadida et Denis, 2004**)

5- Domaine d'utilisation de la bioinformatique :

-la bioinformatique et un domaine très vaste en l'utilise a plusieurs domaines diffirents :

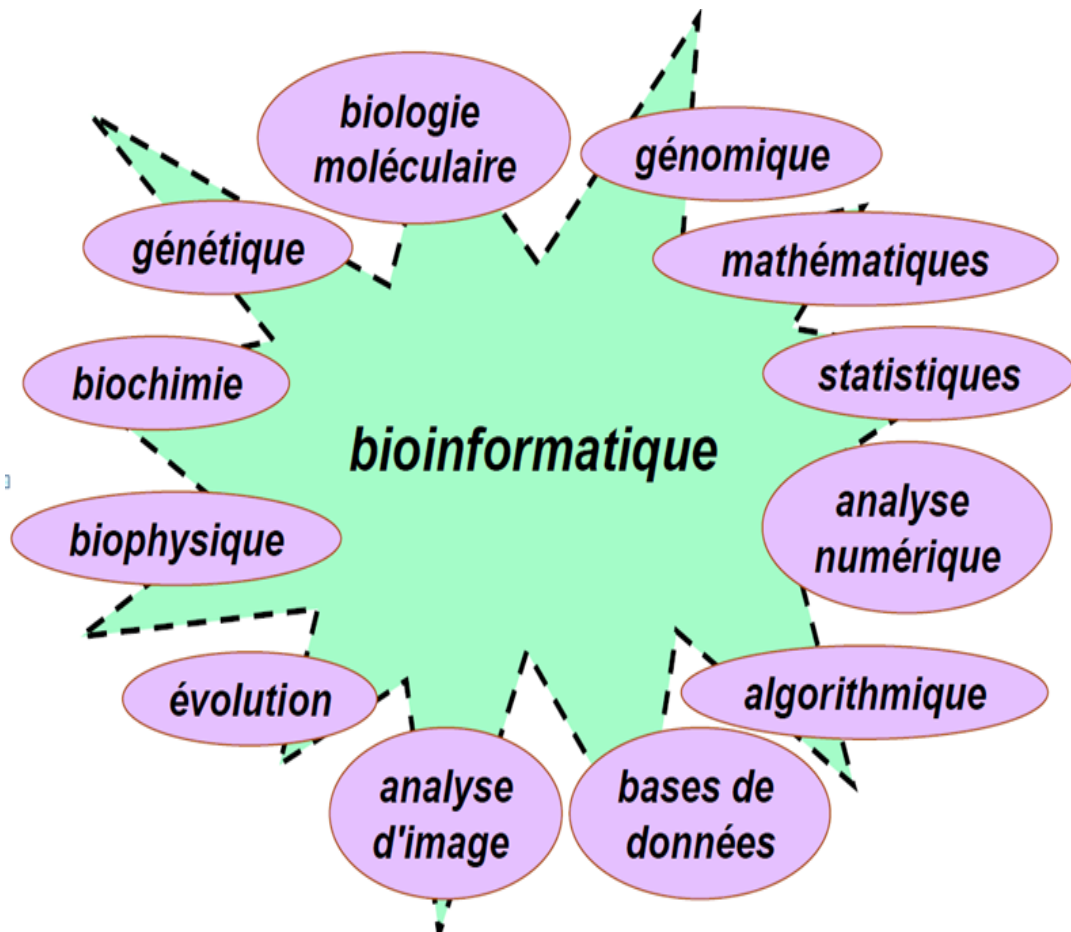


Figure 3 : domaine d'utilisation de la bioinformatique

6-Objectifs -Enjeux de la bioinformatique structurale :

-Stockage, archivage et structuration des banques de données

-Identification et classification des nouvelles protéines

-Protéomique (Electrophorèse 2D, spectrométrie de masse)

-Séquençage de génomes

-Clonage «*in silico*»

-Prédiction de structures et de propriétés de protéines

***Localisation de sites actifs**

***Prédiction, modification de fonction biologique**

-Construction de structures 3D (modélisation moléculaire)

***Mutagenèse dirigée**

***Applications biologiques**

-Génomique structurale

***Délimitation des limites de domaines fonctionnels** (Hancock.J et Zvelebil, 2004)

7- Méthodes en bioinformatique moléculaire :

***Accès aux banques de données**

-Séquences nucléiques

-Séquences protéiques

***Analyse de séquence**

-Nucléiques

-Protéiques

***Analyse de structures**

***Modélisation moléculaire**

- Homologiques (similarités de séquences)
- Analogiques (similarités fonctionnelles)
- Contraintes (John Wiley et al , 2004)

8-Domains d'applications :

***En biologie moléculaire**

- Recherche dans les banques
- Phylogénie et évolution moléculaire

***En virologie**

- Vaccins synthétiques
- Reconnaissance moléculaire

*** En immunologie**

- Synthèse de peptides antigéniques
- Recherche d'épitopes

***En mutagenèse dirigée**

- Modélisation par homologie
- Interactions moléculaires (Mount.D , 2004)

9- Vision «immergée» de la Bioinformatique :

➤ Logiciels et Serveurs

ANTHEPROT, MPSA,

biolcp, NPS@

MPSAWeb,

ANTHEWEB

➤ Applications et Expérimentation Biologiques

➤ Banques de données

Swiss-Prot

SP-Treml

PDB, HCVDB

➤ Méthodologies

SOPM, SOPMA, MLRC

ProScan, PattInProt,

Sumo, PROCSS, geno3D,

➤ Logiciels et Serveurs

ANTHEPROT, MPSA,

biolcp, NPS@

MPSAWeb,

ANTHEWEB

10- Les bases de données

Une base de données est un ensemble structuré et organisé permettant le stockage de grandes quantités d'informations afin d'en faciliter leur utilisation (ajout, mise à jour, Recherche et éventuellement analyse dans les systèmes les plus évolués que nous verrons par la suite).

Elles sont toutes organisées en fonction d'un modèle de données (data model) qui peut être de différents types : modèle hiérarchique (hierarchical model), modèle en réseau (network model), modèle relationnel (relational model), modèle orienté objet (objectoriented model), modèle semi structuré (semistructured model), modèle associatif (associative model), modèle EAV (Entity-Attribute-Value data model) ou encore modèle contextuel (context model).

[Pour en savoir plus : databasemodels]. L'un des modèles les plus utilisés aujourd'hui est le modèle de bases de données relationnelles qui a été inventé un 1970 par Edgar Frank Codd.

11-banque et bases de données biologique

Souvent les termes de banque ou base sont utilisées sans distinction particulière.

Toute fois il existe une différence non seulement pour l'utilisateur mais aussi pour

l'implantation informatique de ces dernières :

Banque de données : ensemble de données relatif à un domaine défini des connaissances et organisé pour être offert aux consultations d'utilisateurs

11.1Base de données :

-ensemble de données organisé en vue de son utilisation par des programmes correspondant à des applications distinctes et de manière à faciliter l'évolution indépendante des données et des programmes.

Chapitre 2 : la bioinformatique

Par exemple, on peut considérer la banque GenBank comme un énorme fichier contenant une suite d'enregistrement et pour chacun des champs spécifiques définis, avec une seule clé d'index comme entrée.

Par exemple, MICADO (MICRobial Advanced Database Organization) est une base de données relationnelle (système de gestion PostgreSQL), dédiée aux génomes microbiens.

Elle intègre notamment l'ensemble des séquences primaires microbiennes issues de Genbank, les génomes complets microbiens réannotés dans la banque Emglib et les données d'analyse fonctionnelle de la bactérie modèle *B. subtilis*.

Il existe un grand nombre de banques ou bases de données d'intérêt biologique.

Cette introduction sera limitée à une présentation des principales banques de données publiques, basées sur la structure primaire des séquences.

*Nous distinguerons deux types de banques :

- celles qui correspondent à une collecte des données la plus exhaustive possible et qui offrent finalement un ensemble plutôt hétérogène d'informations (banques de séquences généralistes)
- celles qui correspondent à des données plus homogènes établies autour d'une thématique et qui offrent une valeur ajoutée à partir d'une technique particulière ou d'un intérêt suscité par un groupe d'individus (banques ou bases de séquences spécialisées).
- La séquence est l'élément central autour duquel les banques de données se sont constituées.

Les séquences biologiques, dès qu'elles ont pu être établies, ont très tôt fait l'objet d'une compilation dans les banques de données. La première compilation de protéines est publiée en 1965 par Margaret Dayhoff : c'est l'Atlas of Protein Sequences qui contient alors 50 entrées. D'abord imprimé jusqu'en 1978, il fut ensuite proposé sous forme électronique.

11. Les banques de séquences généralistes :

C'est au début des années 80 que les premières banques de séquences sont apparues. Sous l'initiative de quelques équipes dont la première à l'initiative de Grantham et C. Gautier à Lyon. Très rapidement avec les évolutions techniques du séquençage, la collecte et la gestion des données ont nécessité une organisation plus conséquente. Ainsi, plusieurs organismes ont pris en charge la production de telles bases de données. Nous présenterons dans les paragraphes suivants l'information contenue dans les banques telles qu'elle apparaît lors d'une requête et nous ne dirons rien de la structuration informatique de celles-ci.

11.3 les banques de séquence nucléiques :

- EMBL : banque européenne créée en 1980 et financée par l'EMBO (European Molecular Biology Organization), elle est aujourd'hui diffusée par l'EBI (European Bioinformatics Institute, Cambridge, UK)
- GenBank : créée en 1982 par la société IntelliGenetics et diffusée maintenant par le NCBI (National Center for Biotechnology Information, Los Alamos, US)
- DDBJ : créée en 1986 et diffusée par le NIG (National Institute Of Genetics, Japon)

11.4 banques protéiques :

- SwissProt: créée en 1986 à l'Université de Genève et maintenue depuis 1987 dans le cadre d'une collaboration, entre cette université (via ExPASy, Expert Protein Analysis System) et l'EBI.

Celle-ci regroupe aussi des séquences annotées de la banque PIRNBRF

Chapitre 2 : la bioinformatique

ainsi que des séquences codantes, traduites de l'EMBL.

-Elles contiennent les protéine obtenues de plusieurs manières différentes :

- in silico : déduite à partir de la séquence nucléique, par simple Traduction du ou des exons la codant
- isolée à partir de la cellule
- ou encore par génie génétique

- PIR-NBRF (protéique) :Créée en 1984 par la NBRF (Nationa BiomedicalResearchFoundation).

Elle est maintenant un ensemble de données issues du MIPS (Martinsried Institute for ProteinSequences, Munich, Allemagne) et de la banque japonaise JIPID (Japan International Protein Information Database).

Elle contient 283 416 entrées. D'autres bases dérivées sont accessibles telles que iProClass basée sur les familles de protéines et décrivant leurs structures et leurs fonctions ou encore PIR-NREF qui contient les séquences PIR, Swiss-Prot, TrEMBL, RefSeq, GenPept, et PDB sans aucune redondance.

-Bases de données nucléiques :

il exisite plusieurs bases de données nucléique parmi les quelles :

Genbank :(08/2014)	165,722,980,375 bases
http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/	174,108,750 séquences
GenomeSequencing Wide :	774,052,098,731 bases
	189,080,419 séquences
ENA (08/2014) :	2 TB997,600,000,000 bases
http://www.ebi.ac.uk/ena/	469,700,000 séquences

DDBJ (06/2014) : 161,078,598,329 bases

<http://www.ddbj.nig.ac.jp/> 172,402,324séquences

-Bases de données protéiques :

il existe plusieurs bases de données protéiques parmi lesquelles :

UniProt/TrEMBL(08/2014) : 82, 673,135 séquences

UniProt/Swiss-Prot (07/2014) : 546,236 séquences (~ 194,259,968aa)

Structures 3D:<http://www.rcsb.org/pdb/>

-PDB RCSB (02/09/2014)103,015 Structures

-Protéines avec <30% identité 22,531Groupes

12.Les outils de la bioinformatique

Le traitement bioinformatique des séquences biologiques peut être :

-Simple : composition, calcul de T_m , traduction, carte de restriction, recherche de cadres ouverts de lecture (tableau 4)

-Complexe : alignement, recherche d'amorce et optimisation des amorces, prédiction de structures secondaires et tertiaires, recherche de motifs, construction d'arbres phylogénétique (Coutouly et *al*, 2006)

Chapitre 2 : la bioinformatique

Tableau 3 : les outils de la bioinformatique (Coutouly et al, 2006)

Outil	Commentaire	Adresse Internet (cf.cederom)
Séquences Nucléotidiques		
Readseq	Conversion des formats de séquences (Fasta, Embl,...)	http://www.ebi.ac.uk/cgi-bin/readseq.cgi
Readseq	Détermination de la composition en bases	http://www.infobiogen.fr/services/analysesec/cgi-bin/fredseq.in.pl
Carteres	Etablissement de la carte de restriction d'une séquence avec des choix des enzymes	http://www.infobiogen.fr/services/analysesec/cgi-bin/car
TACG		http://biotools.umassmed.edu/tacg
ORF-finder	Recherche des ORF (*Open Reading Frame)	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gorf
Transeq	Traduction dans les 6 phases	http://www.cbi.ac.uk/cgi-bin/readseq.cgi
Traduc	de lecture	http://www.infobiogen.fr/services/analysesec/cgi-bin/traduc_in.pl
VecScreen	Direction de fragments de vecteurs de clonage	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/VecScreen
GenMark	Prédiction de Gènes eucaryotes et procaryotes	http://opal.biology.gatech.edu/GeneMark
Outils pour ARN	Outils de prédiction de	http://bioweb.pasteur.fr/sequanal

Chapitre 2 : la bioinformatique

Outils par la PCR		
ObligoCalc	Détermination de Tm par différentes méthodes	http://www.basic.northwestern.edu/biotools/olgocalc.html
Tm-pred		http://dna.bio.puc.cl/cardex/servers/dnaMATE
Primer3	Recherche d'amorces pour PCR	http://biotools.umassmed.edu
Primerquest		http://biotools.idtdn
FastPCR (téléchargeable)		http://biocenter.helsinki.fi/bi/Programs/fastpcr.htm
Séquenc d'acides animés		
ProtParam	Détermination paramètres Physiochimiques (masse moléculaire, pHi..)	http://www.expasy.org/tools/protparam.html
Psipred	Prédiction des hélices alpha, feuillets bêta	http://www.expasy.org/tools/#secondary
SignalP	Recherche de peptide signal	http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP
Tmpred	Prédiction de fragments transmembranaires	http://ch.embnet.org/software/TMPRED_form.html
Prosite	Banques des motifs	http://www.expasy.ch/prosite
SWISS-MODEL	Modélisation 3D	http://swissmodel.expasy.org
Alignement de séquences		
Needle	Alignement globale (algorithme de Needleman)	http://www.ebi.ac.uk/emboss/align

Chapitre 2 : la bioinformatique

FASTA(FAST-A)	Alignement local	http://www2.ebi.ac.uk/fasta3
BLAST (Basic Local Alignment Search)	Alignement local	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST
Weblogo	Création de séquences logo d'un alignement multiple	http://www.weblogo.cbr.mrc.ca TM
T-Coffee cgi/index.c	Alignement multiple	http://igs-server-cnrs-mrs.fr/Tcoffee/tcoffee
Multalin		http://npsa-pbil.ibcp.fr/cgi-bin/align_multalin.pl
Clustal W	Alignement multiple et analyse phylogénétique	http://ebi.ac.uk/clustalw
Phylip	Alignement multiple et analyse phylogénétique	http://www.infobiogen.fr/services/analyseq/cgi-

Chapitre 3:
METHODOLOGIE
DE TRAVAIL

Méthodologie de travail

Nous avons effectuer une recherche dans les bases de données (ncbi)

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

une recherche bibliographique a été effectuée dans les bases de données spécialisées (tel que : science directe, pub med) afin de rassembler toute la documentation et les articles sur les gènes de résistance au stress abiotique chez le blé.

-les résultats obtenus sont présent dans les tableaux suivants :

-Les résultats de la recherche *in silico* des gènes du blé induits par le stress abiotique :

Tableau 4 : Gènes induit par le stress abiotique chez le blé :

stress	organismes	gènes	références
Stress hydrique secheresse	Blé dur (<i>Triticum aestivum</i>)	WCOR410	Leonardis et al. (2007)
		5 E4	
		6H8	
		1C1	
		10D10	
		9B7	
		3H9	
		7H8	
		2H8	
		6G2	
7C3			
Froid	<i>Triticum monococcum</i>	DHN 4A, 5A, 6A	Miller et al (2006)
		Cbf2	
		Cbf4	
		Cbf9	
		Cbf14	
		DHN5	
	<i>(Triticum aestivum)</i>	WCS120	Sarhan et al.(1997)
		Wdhn13	Kume et al.(2005)
		Wcor80	
		Wcor726	
		Wrab17	
		Wrab18	

Chapitre 3 : méthodologie de travail

		<p>WCS200</p> <p>WCS180</p> <p>WCS66</p> <p>WCS40</p> <p>Wlt10</p> <p>Wcor410</p> <p>Wcor615</p>	
Secheresse Et froid	Blé dur (<i>Triticum aestivum</i>)	<p>Cbf2</p> <p>Cbf3</p> <p>Cbf5</p> <p>Cbf9</p> <p>Cbf10</p> <p>Cbf13</p> <p>Cbf14</p> <p>Cbf15</p> <p>Cbf16</p> <p>Cbf17</p>	Leonardis et al. (2007)
salin	Blé trangenique <i>Triticum durum</i>	<p>SNAC1</p> <p>DHN5-LEA protein</p> <p>TDDEH27</p> <p>RAB15</p>	<p>A.S.I. Saad et al.(2013)</p> <p>Brini et al, (2006/2007)</p>

Tableau : 5 Résumé des éléments de DHN de blé.

(Y. Wang et al , 2014)

Contig cluster	Contiga	Gene accession	Dehydrin type	Protein length (aa)	Molecular weight (kD)	Isoelectric point
TaDHN1	TaDHN1.1		KS	106	11.92	6.49
	TaDHN1.2		KS	102	11.49	6.96
TaDHN2	TaDHN2.1	U73211	SK3	259	27.94	5.03
	TaDHN2.2	U73210	SK3	268	28.82	5.09
	TaDHN2.3	L29152	SK3	262	28.15	5.03
TaDHN3	TaDHN3.1		YSK2	160	16.17	9.04
TaDHN4	TaDHN4.1		YSK2	152	15.4	8.73
TaDHN5	TaDHN5.1		YSK2	149	14.83	6.7
TaDHN6	TaDHN6.1	AM180930	YSK2	150	15.22	9.22
	TaDHN6.2		YSK2	152	15.34	9.38
	TaDHN6.3	AM180929	YSK2	150	15.18	9.38
	TaDHN6.4		YSK2	149	15.22	9.19
	TaDHN6.5		YSK2	150	15.29	9.04
TaDHN7	TaDHN7.1		Y2SK2	215	22.24	6.7
	TaDHN7.2		Y2SK2	217	22.3	7
	TaDHN7.3	EU584500	Y2SK2	213	21.83	6.27
TaDHN8	TaDHN8.1		YSK2	138	14.22	8.24
	TaDHN8.2		YSK2	133	13.93	8.71
TaDHN9	TaDHN9.1		YSK2	143	14.51	7.44
	TaDHN9.2		YSK2	143	14.43	8.24
	TaDHN9.3		YSK2	143	14.57	8.24
TaDHN10	TaDHN10.1		YSK2	144	14.51	9.06
TaDHN11	TaDHN11.1	X78429	YSK2	158	15.84	9.01
TaDHN12	TaDHN12.1	EU395844	YSK2	152.1	5.63	8.27
TaDHN13	TaDHN13.1		YSK2	162.1	6.2	7.5
	TaDHN13.2		YSK2	162.1	6.1	9.06
	TaDHN13.3		YSK2	162.1	6.2	8.79

Chapitre 3 : méthodologie de travail

TaDHN14	TaDHN14.1		YSK2	167.1	6.71	7.5
TaDHN15	TaDHN15.1	AF453444	YSK2	166	16.7	8.25
TaDHN16	TaDHN16.1		YSK2	160	16.25	8.29
TaDHN17	TaDHN17.1	AK331525	YSK2	231	23.23	9.15
	TaDHN17.2		YSK2	231	23.02	8.88
	TaDHN17.3	AY619566	YSK2	221	22.05	8.99
TaDHN18	TaDHN18.1	AM180932	K2	93	9.66	6.92
	TaDHN18.2		K2	93	9.66	6.92
	TaDHN18.3		K2	93	9.61	7.5
TaDHN19	TaDHN19.1		K3	124	12.78	6.65
	TaDHN19.2	AM180933	k3	124	12.83	7.52
	TaDHN19.3	AB272228	K3	112	11.53	6.32
TaDHN20	TaDHN20.1		b K4	–	–	–
TaDHN21	TaDHN21.1		K3	147.1	5.39	6.32
TaDHN22	TaDHN22.1		K4	250	26.16	5.79
TaDHN23	TaDHN23.1		K6	391.3	8.82	6.98
	TaDHN23.2	P46525	K6	391	38.9.	7.09
TaDHN24	TaDHN24.1	P46526	K7	470	46.87	6.85
TaDHN25	TaDHN25.1		Y2SK3	383	37.23	8.95
	TaDHN25.2		b Y2 SK3	–	–	–
TaDHN26	TaDHN26.1		b YSK 3	–	–	–
TaDHN27	TaDHN27.1		K3	221	21.93	5.9
TaDHN28	TaDHN28.1		K2	153	15.55	6.83
TaDHN29	TaDHN29.1		K	172	17.06	6.38
TaDHN30	TaDHN30.1		K2	228	24.62	9.84
TaDHN31	TaDHN31.1		K	111	13.17	4.72
TaDHN32	TaDHN32.1		K2	138	14.65	5.81

Discussion :

A travers les resultats obtenus nous avons peut identifier plusieurs gènes de résistances

- les gènes résistants à la salinité (DHN5-LEA protein, TDDEH27, RAB15)
- les gènes résistants à la sechresse WCOR410,5 E4,6H8,1C1,10D10,9B7,3H9,7H8,2H8,6G2,
- les gènes résistants à la froid (DHN 4A, 5A,6A,Cbf2,Cbf4,Cbf9,Cbf14,DHN5,WCS120, Wdhn13,Wcor80)

Dans cette étude, nous avons introduit un gène OsSNAC1 exogène dans un cultivar de blé commerciale moduler la réponse aux stress abiotiques et améliorer la sécheresse et le sel la tolérance dans le blé transgénique.

-dans ce travail nous avons identifier d'autre groupe de gènes liés à la tolérance au stress abiotique tel que la famille des dehydrines .

Chapitre 3 : méthodologie de travail

2-Résultats de conception d'amorces : les résultats de la conception d'amorces

sont représentés dans le tableau ci- dessous (dont les séquences sont en annexe 1,2 et 3)

Gènes	Amorce sens et anti-sens	Taille	longueur	TM	CG%
Wcor726	Sens : cccgctacctttgcagaata	184	20	60.22	50
	Anti sens : acacggtttgaaccaagagg		20	60.01	50
Additionnels oligos	Sens : cccgctacctttgcagaata	181	20	60.22	50
	Anti sens : cggtttgaaccaagaggaaa		20	60.08	45
	Sens : cggtgagaacaagagcatca	166	20	59.98	50
	Anti sens : tccaacgaccaagtgagcta		20	59.44	50
	Sens : cccgctacctttgcagaata	182	20	60.22	50
	Anti sens : acggtttgaaccaagaggaa		20	59.57	45
Sens : accggtgagaacaagagcat	168	20	53.73	50	
Anti sens : tccaacgaccaagtgagcta		20	59.44	50	
Wcor80	Sens : gaagagcctcatggacaagg	155	20	59.80	55
	Anti sens : acattcgctcctccaatgac		20	60.08	50
Additionnels oligos	Sens : ggcatcatggagaacatcaa	232	20	59.46	45
	Anti sens : gcagcttctccttgacctg		20	60.13	55
	Sens : gcctcatggacaaggtaag	150	20	60.66	55
	Anti sens : acattcgctcctccaatgac		20	60.08	50
	Sens : agcctcatggacaaggtaag	151	20	60.66	50
	Anti sens : acattcgctcctccaatgac		20	60.08	50
Sens : agagcctcatggacaaggtaag	153	20	59.26	55	
Anti sens : acattcgctcctccaatgac		20	59.26	55	

Chapitre 3 : méthodologie de travail

			20	60.08	50	
DHN5 proteïn LEA	Sens : accaccgttgcagaatcaat Anti sens : cgaggaccataaccgtaaagc	231	20 20	60.38 59.59	45 55	
Additionnels oligos	Sens : accaccgttgcagaatcaat Anti sens : gcgaggaccataaccgtaaag	232	20	60.38	45	
			20	59.59	55	
	Sens : ttccaccatacaacgtgagc Anti sens : cgaggaccataaccgtaaagc	183	20	59.57	50	
			20	59.59	55	
	Sens : ttccaccatacaacgtgagc Anti sens : gcgaggaccataaccgtaaag	184	20	59.57	50	
			20	59.59	55	
	Sens : ccaccgttgcagaatcaata Anti sens : cgaggaccataaccgtaaagc	230	20 20	59.54 59.59	45 55	
CBF5	Sens : cgcccaggttttacatgtct Anti sens : tagtcgaacaagcagctcca	196	20 20	60.13 59.73	50 50	
Additionnels oligos	Sens : cgcccaggttttacatgtct Anti sens : tcgaacaagcagctccatag	193	20	60.13	50	
			20	59.17	50	
	Sens : ctgcggaagcagattgttct Anti sens : cgccggaagacatgtaaaac	238	20	60.54	50	
			20	60.50	50	
	Sens : cgcccaggttttacatgtct Anti sens : gtcgaacaagcagctccata	194	20	60.13	50	
			20	59.03	50	
		Sens : cgcccaggttttacatgtct Anti sens : agtcgaacaagcagctccata		20	60.13	50
				21	60.03	47.62
CBF10	Sens : gagacgtcgaaaccttctgc Anti sens : agaatcggctacaagctcca	239	20 20	60.00 59.98	55 50	
Additionnels oligos	Sens : gagacgtcgaaaccttctgc Anti sens : gaatcggctacaagctccag	238	20	60.00	55	
			20	59.98	55	
	Sens :					

Chapitre 3 : méthodologie de travail

	gagacgtcgaaaccttctgc Anti sens : aatcggctacaagctccaga	237	20	60.00	55
	Sens : tgtcttcagcgcgttcatac Anti sens : agtcgagcttgggtgcttgat	164	20	60.02	50
	Sens : gtcttcagcgcgttcataca Anti sens : agtcgagcttgggtgcttgat	163	20	60.02	50
Wcor410	Sens : gagaaggaggaggagctggt Anti sens : cttttccttgagcccccttct	225	20	59.95	60
			20	59.82	50
Additionnels oligos	Sens : gagaaggaggaggagctggt Anti sens : ttttccttgagcccccttctt	224	20	59.95	60
			20	60.18	45
	Sens : ctgacgcgaaggagaagaag Anti sens : ctcccaccttgacaccaact	216	20	60.27	55
			20	60.00	55
	Sens : ctgacgcgaaggagaagaag Anti sens : aacacacgccaacaattcaa	178	20	60.27	55
			20	60.01	40
	Sens : ctgacgcgaaggagaagaag Anti sens : cacacgccaacaattcaatc	176	20	60.27	55
			20	59.97	45
WCS66	Sens : acacgggaactactggcact Anti sens : attctctcctccaacgacca	206	20	59.65	55
			20	59.65	50
Additionnels oligos	Sens : acacgggaactactggcact Anti sens : tctctcctccaacgaccaag	204	20	59.65	55
			20	60.38	55
	Sens : ggacacacgggaactactgg Anti sens : attctctcctccaacgacca	210	20	60.42	60
			20	59.65	50
	Sens : ggacacacgggaactactgg Anti sens : tctctcctccaacgaccaag	208	20	60.42	60
			20	60.38	55
	Sens : acggacacacgggaactact Anti sens : attctctcctccaacgacca	212	20	59.50	55
			20	59.65	50

Discussion :

Sept gènes, de résistance au différents stress abiotiques (sécheresse, froid, salin) ont été utilisés. A partir de séquences de ces gènes plusieurs amorces ont été désignées (35 amorces) avec leurs tailles, positions, longueurs, et T_m, GC%).

Les amorces conçues par bioinformatique et peuvent être utilisé pour leur détection par PCR. Nous pouvons donc dire qu'on a conçu de nouvelles amorces par bio-informatique, ayant l'avantage d'être stables et ayant des propriétés adaptées aux protocoles expérimentaux qui seront utilise comme base dans les laboratoires de biotechnologies et de biologie moléculaire.

CONCLUSION

Conclusion

La bio-informatique est née il y a presque une vingtaine d'années pour aider les biologistes qui avaient besoin d'un support permettant de stocker un nombre de données ne cessant d'augmenter, et d'un outil y facilitant l'accès et en simplifiant le traitement. Certains pays ont un rôle prépondérant dans le développement de cette discipline, alors que d'autres tentent de rattraper le retard accumulé.

Grace à la recherche in silico nous avons pu mettre en valeur des gènes qui tolèrent différents stress abiotiques notamment ceux résistants à la sécheresse WCOR410, 5E4,6H8,1C1,10D10, 9B7 3H9,7H8,2H8,6G2,7C3 dans *Triticum aestivum*, TdDRF1 et DHN5-LEA protein dans *Triticum durum*, au froid DHN 4A,5A,6A,Cbf2,Cbf4,Cbf9,Cbf14,DHN5,WCS120,Wdhn13, Wcor80, Wcor726, Wrab17, Wrab18, WCS200, WCS180, WCS66, WCS40, Wlt10,Wcor410, Wcor615, dans *Triticum aestivum* et à la salinité tel que SNAC1 et RAB15 dans *Triticum aestivum*.

L'outil bio-informatique nous a également permis de mettre au point de nouvelles amorces par la maîtrise de logiciels de conception (primer 3).

Et nous a permis encor de concevoir des amorces PCR pouvant être utilisés aux protocoles expérimentaux.

BIBLIOGRAPHIE

Abu Sefyan I. Saad a,1, Xu Li a,1, He-Ping Li a,b, Tao Huanga, Chun-Sheng Gaoa,c, Mao-Wei Guoa, Wei Chenga, Guang-Yao Zhao d, Yu-Cai Liao A.S.I. Saad et al., (2013): A rice stress-responsive NAC gene enhances tolerance of transgenic wheat to drought and salt stresses *Plant Science* 203– 204 (2013) 33– 40.

Amokrane A., Bouzerzour H., Benmahammed A., et Djekoun A., (2002): Caractérisation des variétés locales, syriennes et européennes de blé dur évaluées en zone semi-aride d'altitude. *Sciences et Technologie*, Université Mentouri Constantine. Numéro spécial D, 33-38

Anna Maria De Leonardis a, et al., (2007): Durum wheat genes up-regulated in the early phases of cold stress are modulated by drought in a developmental and genotype dependent manner, C.R.A.-Experimental Institute for Cereal Research, Section of Foggia, S.S. 16 km 675, 71100 Foggia, Italy, Received 18 July 2006; received in revised form 30 January 2007; accepted 5 February 2007, Available online 9 February 2007 1005–1016

Anonyme A., (2013): . [En ligne]. Page consulté le 20.02.2015. Adresse URL : <>.

Anonyme B., (2013): . [En ligne]. Page consulté le 12.02.2015. Adresse URL : <<http://www.algerie-focus.com/blog/2012/02/premier-importateur-au-monde-lalgerie-echange-son-ble-contre-la-paix-a-ses-frontiere>>.

Anonyme C., (2013): [En ligne]. Page consulté le 18.02.2015. Adresse URL : <<http://www.planetoscope.com/cereales/191-production-mondiale-de-ble.html>>

Anonyme D., (2014) : Consommation de blé, en kg, par an en Algérie. [En ligne]. Page consulté le 18.02.2015. Adresse URL : <<http://motsdote06damizour.unblog.fr/2010/08/11/le-pain2e-partiealgerie49-millions-de-baguettes-par-jour-et-triche-sur-le-poids-de-la-baguettedepain/http://tem.revues.org/1754>>.

Benaissa R., (2013) : Production de blé : Des prévisions optimistes. In “Conférence de presse sur l’agriculture, 23 JUIL 2013”. Eds. L'ECONEWS. Algérie.

Benbelkacem A., (1997) : Etude de l’adaptation variétale des céréales cultivées en Algérie sous différentes conditions agro-écologiques. Céréaliculture. ITGC/MADR. n°31, 17-22 p.

Référence bibliographique

Benmahammed A., Kribaa M., Bouzerzour H., et Djekoun A., (2008): Relationships between F2, F3 and F4-derived lines for above ground biomass and harvest index 107 of three barley (*Hordeum vulgare* L.) crosses in a Mediterranean-type environment. *Agricultural Journal*, **3**: 313-318.

Bernard C., (2001): Biologie - la bio-informatique, Encyclopaedia Universalis. [En ligne]. Page consulté le 05.03.2015. Adresse URL : <http://www.universalis.fr/encyclopedie/biologie-la-bio-informatique/>.

Bouchoukh I., (2006) : Contribution à l'étude des septorioses des blés (*Septoria tritici* et *Septoria nodorum*) : Importance relative et résistance variétale. Mémoire d'ingénieur d'états. ISN. Univ. Constantine. 33 p.

Boukadida. J et Denis. J ; (2004) : Travail d'étude. Bio-Informatique. P 4-6

Boulal H., Zaghouane O., El Mourid M et Rezgui S., (2007) : Guide pratique de la conduite des céréales d'automne (blés et orge) dans le Maghreb (Algérie. Maroc. Tunisie).ITGC, INRA, ICARDA. ISBN : 978-9961-881-14-9. 176 pp.

Bouzerzour H., et Benmahammed A., (2009): Variation in early growth, canopy temperature, translocation and yield of four durum wheat (*Triticum durum* Desf.) genotypes under semi-arid conditions. *Dirassat Journal of Agricultural Sciences, Jordan Univ.* **5**: 142-154.

Bozzini A., (1988): « Origin, distribution, and production of durum wheat in the world. » Dans Fabriani G. et C. Lintas (éd). *Durum: Chemistry and Technology*. AACCC (Minnesota), États-Unis. p. 1-16

Brini. F., Hanin M., Lumbreras V., Irar S., Pages M., et Masmoudi K., (2006): Functional characterization of DHN-5, a dehydrin showing a differential phosphorylation pattern in two Tunisian durum wheat (*Triticum durum* Desf.) varieties with marked differences in salt and drought tolerance.

Référence bibliographique

Cassan E., (2013): Biologie et Outils bioinformatiques. Banque de données biologiques. P 6-9.

Chenafi H., Aïdaoui A., Bouzerzour H., et Saci A., (2006): Yield response of durum wheat (*Triticum durum* Desf.) cultivar Waha to deficit irrigation under semi-arid growth conditions. *Asian J Plant Sci.*, **5**: 854-860

Clarke J. M., Norvell W. A., Clarke F. R., et Buckley T. W., (2002): Concentration of cadmium and other elements in the grain of near-isogenic durum lines. *Can. J. Plant Sci./Revue canadienne de phytotechnie*, **82**:27-33.

Claverie J. M., (2000): La Biologie structurale, Information génétique et structurale. [En ligne]. Page consulté le 03.04.2015. Adresse URL : < <http://igs-server.cnrs-mrs.fr/cnrs.html> >.

Coutouly et al., (2006): Coutouly. G ; E. Klein ; E. Barbieri ; M. Kriat ; (2006) : Biosciences et techniques. Paris, France. P 217-220.

Cuin T. A., Betts S. A., Chalmandrier R., et Shabala S., (2008): Root's ability to retain K⁺ correlates with salt tolerance in wheat. *Journal of Experimental Botany*. **59**: 2697-2706.

Donmez E., Sears R. G., Shroyer J. P., et Paulsen G. M., (2000): Evaluation of Winter Durum Wheat for Kansas. Kansas State University Agricultural Experiment Station and Cooperative Extension Service. Publication No 00-172-S.

El Mourid M., Lamine M., Boufirass M et Farihane H., (1992): Simulation de l'effet de l'irrigation d'appoint sur la productivité du blé tendre dans les régions semi-arides du Maroc. In : International Conference on "Supplementary irrigation and drought water management". Volum 1. Septembre 27- October 2, 1992. Valenzano-Bari (ITALY), pp : S1-11.1 – S1-11.14.

Equipe Bonsai., Isabelle Quinkal (Journaliste), François Rechenmann (Chercheur)

(2014) : Source : article présentant la bioinformatique, sur le site d'*Interstices*.

Bioinformatique et données biologiques, Cours d'introduction à la bioinformatique et de présentation des banques de séquences : p 1-10.

Fai`c, al Brini a, Moez Hanin a, Victoria Lumbreras b, Sami Irar b, Montserrat Page`s b, Khaled Masmoudi, F. Brini et al., (2007): Functional characterization of DHN-5, a dehydrin showing a differential phosphorylation pattern in two Tunisian durum wheat (*Triticum durum* Desf.) varieties with marked differences in salt and drought tolerance

172 (2007) 20–28.

Gate P., (1995): Ecophysiologie du blé, de la plante à la culture. *Editions TEC & DOC, Lavoisier, Cachan.* 417 pages.

Giunta F., Motzo R. et Deidda, M. 1993. Effect of drought on yield and yield components of durum wheat and triticale in Mediterranean environment. *Field crops Research.* 33: 399-409.

Guenter S., (2003): The EMBL Nucleotide Sequence Database: major new Developments. EMBL Outstation, the European Bioinformatics Institute, Wellcome Trust Genome Campus, Hinxton, Cambridge CB10 1SD, UK. *Nucleic Acids Research* 1: P 17-22.

Hauchinal R. R., Tandon J. P., et Salinath P. M., (1993): Variation and adaptation of wheat varieties to heat tolerance in Peninsular India . *In Sanders, D. A. and G. P. Hettel. Wheat in heat stressed environments, irrigated dry areas and rice- wheat farming systems, Mexico, DF, Cimmyt,* 175-183.

Hussain S. S., (2006): Molecular breeding for abiotic stress tolerance: drought perspective. *Proc Pak Acad Sci.,* 43:189–210.

Jizeng M., Xiuying J., Feuillet K. et Choulet C. F., (2012): Genome-level identification of cell wall invertase genes in wheat for the study of drought tolerance. *Functional Plant Biology,* 39: P 569–579.

Jones H. G., Flowers T. J., et Jones M. B., (1989): Plants under stress. Univ. Cambridge Witcombe JR., PA. Hollington, CJ. Howarth, S. Reader, KA. Steel. 2009. Breeding for abiotic stresses for sustainable agriculture. *Phil. Trans. R. Soc. B.,* 363: 703-716.

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

Kobayashi F., Ishibashi M., et Takumi S., (2008): Transcriptional activation of Cor/Lea genes and increase in abiotic stress tolerance through expression of a wheat DREB2 homolog in transgenic tobacco, *Transgenic Res.* 17 (2008) 755–767.

Référence bibliographique

Kume S., Kobayashi F., Ishibashi M., Ohno R., Nakamura C., et Takumi S., (2005): Differential and coordinated expression of Cbf and Cor/Lea genes during long-term cold acclimation in two wheat cultivars showing distinct levels of freezing tolerance, *Genes Genet. Syst.* 80 (2005) 185–197.

Levitt J., (1980): Responses of plants to environmental stresses. I-Chilling, freezing and high temperature. *Academic Press., New York, USA*, 607 pages.

Madhava Rao K.V., Raghavendra A. S. et Janardhan Reddy K. 2006. Printed in the Netherlands. *Physiology and Molecular Biology of Stress Tolerance in Plants. Springer:P1-14*

Martel E., (2011): Conception automatisée d'amorces et de sondes aux fins de diagnostic moléculaire. Dans le cadre du programme de maîtrise sur mesure en bio-informatique pour l'obtention du grade de Maître de sciences. UNIVERSITÉ LAVAL QUÉBEC. P 9-25.

Mihoub A., (2008): Effet de la fertilisation phosphatée sur la nutrition azotée et la productivité d'une culture de blé dur (*Triticum durum L. var. carioca*) Mémoire d'ingénieur. SNVT. Univ. D'El-Goléa-Ghardaia. 79p.

Miller A. K., Galiba G., et Dubcovsky J., (2006): A cluster of 11 CBF transcription factors is located at the frost tolerance locus Fr-Am2 in *Triticum monococcum*, *Mol. Gen. Genomics* 275 (2006) 193–203.

Mount C., (2004): Access xp étape par étape créé application de base de données. El maarifa. ISBN: 9961-48-116-X. El-Souna, Alger. P 234.

Munns R., James R. A., et Lauchli A., (2006): Approaches to increasing the salt tolerance of wheat and other cereals. *J. Exp. Bot.* 57: 1025-1043.

Passioura J., (2004): Increasing crop productivity when water is scarce: from breeding to field management. *In proceedings of the 4th International Crop Science Congress "New directions for a diverse planet" Brisbane, Australia.* 12 pages. www.regional.org-au/au/cs

Peterson. (1965). Macroconidium formation in submerged cultures by a non-sporulating strain of *Gibberella zeae*. *Mycologia* 57, 962-966.

Rawson D. M., Willmer A. J., et Turner APP., (1993): Whole-cell Biosensors for environmental monitoring. *Biosensors*, 4: 299-311.

Référence bibliographique

Sarhan F., Ouellet F., et Vazquez-Tello A., (1997): The wheat wcs120 gene family. A useful model to understand the molecular genetics of freezing tolerance in cereals, *Physiol. Plant.* 101 (1997) 439–445.

Shepherd T., et Griffiths D. W., (2006): The effects of stress on plant cuticular waxes. *New Phytol.*, 171: 469–499.

Sylvie B., (2011): Bioinformatique utilisateur. [En ligne]. Page consulté le 20.04.2015. Adresse URL : <<http://lyc-chevreuse-gif.ac-versailles.fr/>>.

T. Lenaerts,(2010- 2014) J. Pacheco, A. Traulsen, and D. Dingli. Tyrosine kinase inhibitor therapy can cure chronic myeloid leukemia without hitting leukemic stem cells. *Haematologica*, pages 900–907, 2010-2014

Tafforeau M., (2002): Étude des phases précoces de la transduction des signaux environnementaux chez le lin : une approche protéomique. Thèse de Doctorat de l'Université de Rouen. Spécialité: Biochimie Végétale.

Tateno Y., Miyazaki S., Ota M., Sugawara H., et Gojobori T., (2000): DNA Data Bank of Japan (DDBJ) in collaboration with mass sequencing teams. *Nucleic Acids Res*, 28: P24-26.

Tsimilli-Michael M. M., Pêcheux R. J., et Strasser., (1998): Vitality and stress adaptation of the symbionts of coral reef and temperate foraminifers probed *in hospite* by the fluorescence kinetics O-J-I-P. *Archs. Sci.* Genève.51: 205 - 240 p.

Wheeler D. L., Benson D. A., Karsch-Mizrachi I., Lipman D. J., Ostell J., et Rapp B. A., (2006): GenBank. *Nucleic Acids Res*, 28: P 15–18.

Witcombe *et al.*, (2009): Witcombe JR., PA. Hollington, CJ. Howarth, S. Reader, KA. Steel. (2009): Breeding for abiotic stresses for sustainable agriculture. *Phil. Trans. R. Soc. B.*, **363**: 703-716.

Yuezhi W. B., Haibin X., Huilan Z., Ye T., Guangxiang Z., Lixia Z., Caiqin Z., Zhengzhi Z., Zhengqiang M., Wang Y., *et al.*, (2014): Classification and expression diversification of wheat dehydrin genes *Plant Science* 214 (2014) 113– 120.

ANNEXES

ANNEXES .01

La séquence du gène Wcor726 « *Triticum aestivum* »

1 ctcacacaac caaacagcag aaccagtgtc agatttcccg agggacaagt
Tgagcgcaag

61 atggagcacc aggggcgcgg cgcaggcgag aacaaggcg tcgtggagag
Catcacggag

121 aagctccccg gtggccacgg tgatcaccag cagaccaccg gtggtacata
Cgggcagcag

181 ggacacggcg ccggagttac cggcacaggc accggcacca gcgagaagaa
Gggcgtcatc

241 gagaacatca aggagaagct ccccgggtggc cacggtggcc cccagcacac
Cactggaatg

301 accggctcgg agacgcatgc caccacggcc accaccgatg gcaactacgg
Gaagtcggga

361 cacaccggca ctgacggcac cggtgagaac aagagcatca tggacaagat
Caaggacaag

421 ctgcctggac agcactaagc ccagccggtc gccccgctac ctttgcagaa
Tatataataa

481 gatggccaac ttccaccgtg tatacattaa ctgagtctag ttttaactagc
Tcacttggtc

541 gttggaggag cgcccgaatt catctggggt taagttttcg tttgtttaca
Atttgcctac

601 tttgatgtgg aaatttcctc ttggttcaaa ccgtgtatgg tatgctatgg
tatctataat

661 ataca

ANNEXES .02

La séquence du gène Wcor80 « *Triticum aestivum* »

1 cagcagcact agctagtaga tttcccgagt gacaggttga gcgcaagatg
Gagcaccagg

61 gacacggcac cggcgagaag aaaggcatca tggagaacat caaggagaag
Ctccccggtg

121 gccaccagca gaccgctggc acccacgggc agcagggaca cactggaatg
Accggcacgg

181 agatgcatga caccacggcc accggcggca cctttgggca gcagggacac
Accggaacga

241 ctggcactgg gacacacggc acagccggga ccggcgagaa gaagagcctc
Atggacaagg

301 tcaaggagaa gctgcctgga cagcactaag cccggtgtgc ccacgaccgc
Tacccttcgca

361 gaataatact ccaccgtata tgaattgatc gagtctagtt
cacctagctc acttggatcat

421 tggaggagcg aatgtatctt tgctttaagt tttcacggaa atgtg

ANNEXES .03

La séquence du gène DHN5-LEA Protein « *Triticum durum* »

Séquence 1124 BP; 293 A; 316 C; 342 G; 173 T 60

atggactgaa ggagtagaaa acaacgactc accagctttc tgtcagccaa
agaccaaag 120 ctaaagccac aaccaagtcc agtttaggag gcaaagatgg
agttccaagg gcagcacgac 180 aaccccgcca accgcgtcga cgagtacggc
aacccgtttc cgctagccgg cggcgtgggg 240 ggagcgcacg ccgctcccgg
caccggcggg cagttccagg cccacagggg agagcacaag 300 accggtggga
tcctgcatcg ctccggcagc tccagctcca gctcgtcttc cgaggacgac 360
ggcatgggcg ggaggagaaa gaagggcatg aaggagaaga tcaaggagaa
gctccccggt 420 ggccacggtg accagcagca caccggtggc acctacagac
agcagggtac tggcatggtc 480 ggcaccggcg gcacctacgg gcagaagggt
cacttgga tgaccggcac cggcggcacc 540 tacgggcagc agggtcacac
tgggatgacc ggcaccggcg gcacctacgg gcagcagggc 600 cacttgga
tgaccggcac cggcggcacc tacggacagc aaggccacac cgggatggcc 660
ggcaccgggg cgcattggcac cacggccact ggtggcacct acgggcagcc
gggccacacc 720 gggatgacag gcacgggggc gcacggcacc ggaggcacct
acgggcagca cggcactgac 780 accggcgaga agaagggcat catggacaag
atcaaggaga agtcccagg ccagcactga 840 gcgctgagga gagcccggg
ccgccacttc tgagagtgga ggtgccggtc gaccaccgtt 900 gcagaatcaa
taataagatc gcgatacgat acaataaaaat tccaccatac aacgtgagcc 960
tagttcacct agtccacttg ctggtggagg agccactgta tctaggctca
agtttacgtg 1020 acaaacagt gttttgagtt tttcgtctgt ttattacatt
gtataatctt gtaagtttcc 1080 tgtggttaaa cctgtatgt acgctttacg
gtatggctct cgcgtacagg ttagttcttt 1124 atcaaataaa taataccgtc
ttaagagtaa aaaaaaaaaa aaaa

ANNEXES .04

La séquence du gène CBF5 « *Triticum aestivum* »

1 aagcttcagc atgaatggcg aaaatgcacg tgaagaagct ccgatcggta
Ggacgtaaca

61 gacgggcaca aatggacaaa gagtgctcga ccaacctata aacaacaat
aggcgaaaaa

121 accacgtatc tgtttgtgtc ggcgcgtcg agtgctctaa cctctatgca
Acaaagagtc

181 gccgcgttaa ggcgggcggg cgggcggcag gcacatggcg tcccgcctcg
Gcacctcgtg

241 tcagcccggc agccccgcca cgtaccaaag agcacgcaaa agggcaaggt
Taacctgacg

301 tgcgccgcgc cacgccgggg atcgtcgtta tcgccgcccg gcgtggggcg
Gcagacgcgc

361 agtcagttga caggccgaag caccgtccgt cccacgcagg cacgcagctg
Ctctgcggga

421 cagagtacca gtactaggat aataacggcg ggccgtggac
gcgttcgggc gggcggcgcc

481 agggcacgag ccgccgcca tccgtccctg ccgcacgtgc tttcctcgag
Atccggagct

541 ctaccagtac accatagtct gaccactga cacagtacga tgccggccgg
Ccaagaccag

601 cagaaaatcc cgtctctgtc gccgtctcca cgtggcctct cccccttccg

Gtcgccttg

661 ttccgatgca aagtgtgcaa ttccgaactc ttctagttgt agccttgat

Actccgcgcg

721 aagctagccc gccacgcaa cgcagccggc ctccctccgc caccgtgtcc

Cgcgacgcg

781 cgccattcg gaccgcccac gcgccccggc cgaatcctat atacacacgt

Cgctctctc

841 gctccctccc tccgatcat aaaaacctcg atcacaagcc aacaccattg

Attcgctagc

901 tacagtgtct gcagataagc aaacgatcga tccgtgcaag atggacaact

Ccggcgtggt

961 cttctatggc ggcgcatagc cgacggtgat gtcggcgccg ccgaagcggc

Cggcggggcg

1021 gaccaagttc cgggagacgc gccacccggt gtaccgcggc gtgcgccggc

Gcggcgccgc

1081 ggggcgctgg gtgtgagagg tgcgccagcc caacaacaag tcccgcattc

Ggctcggcac

1141 cttcgccagc cccgaggccg ccgcgcgcgcc ccacgacgtc

gccgcgctcg cgctccgggg

1201 ccgcgccgcc tgcctcaact tcgcccactc ggccgcgctg

ctcgccgctg acccggccac

1261 gctccgcacg ccccaggaca tcagagccgc cgcaatcacg ctgcccaga

Cggcctgccc

1321 gcacgacgcg ccgaggtcct ctgtgtccgc ggcgtctgcg ccggcgcccg

Cgatggtgat

1381 cacgcaggag gccgcggtcg cgccgtacga cagctacgcc atgtacggcg

Gcttggcgga

1441 cctggaacag cattcccact gctactacga cgggatgagc ggcagcggcg

Actggcagag

1501 catctcacac atgaacgctc cgcacgaaga cgggtggctac

ggcgcaggag acgtcgcgct

1561 ctggagctac tgatcgagtg ggattgatct ggcagtttgt tgagcacgat

Tcgtttgctc

1621 ctgagtcctc cgaaatccac gatcgatagg ggagtggcgt atggacgcac

Accatattcg

1681 catgagctag tttcaagcac gcgtactctg ctttcccatg ttcttgaaaa

Ttggcgctaa

1741 aactacacac gtgagctagt tttggtaggg gtatagtgct

aggaaatata tgcagccagt

1801 ttgctgagcg gttacagaca atttatacct cactcgagat ttttttttcc

Cttccatgta

1861 aatagctctg tcaaaagtaa tatactctac cttgtaaata ctgcagatcc

Ttaatttgat

1921 ctttttttctc tttaaaatga tgagagcaat tataaagatt caccaaagca

Aagcacctca

1981 aacataataa aagatacatc gagatccatg aacaatcaaa

ccaccgccgc cgccgtcaaa

2041 acaagccatt gaatccttta tttgatctga ggaatctgac acgaaatctc

gtcgttgccg

2101 gtgccctgac ctcgccgcc aagaagctgg cagaatatgc ccaagctt

ANNEXES .05

La séquence du gène CBF10 « *Triticum aestivum* »

1 aagcttcgtg gtcttgttgg gagcctccga ttaagttgtg gagtttgccc
Caaccttgtt

61tgtaaagggtt cggtcgccgc cttcaagggc accaatagtg
gaatcacggc atctcgcatc

121 gtgtgagggc gtgaggagaa tacgggtggc ctagtggcct cttggggagc
Atcgtgcctc

181 cacaccgctc caacggagac gtacttcccc tcaaaaggaa ggaacttcgg
Taacacatcc

241 tcgtcttcac cggatccact cttggttatc tcttaccttt acttatgcaa
Gctctttagt

301 gattattccc ttgcttgctt gtgtgcttgt tgttgttgca tcatataggt
Tgctcaccta

361 gttgcacatc tagacaacct actttgatgc aaagattaat ttggtaaaga
Aaagctaaaa

421 attggtagtt gcctattcac cccccctcta gtcaaccata tcgacccctt
Caacaacgag

481 ccgcacggac gcggatttgg tgaacatggg tgcacgcgca ccctttataa
Atagtaaatt

541 caaaaaaatg ctagaaaaaa taaaaaaaac gaacttattt ttgtaatata
Catactcaac

601 cggatatactc gcatatgaag tttcatgaag aaacacatcc gtggtaatct
gggcaaaaat

661 gacaaaatcg aaagctaate gaagctatat taaaaaagga ctatttaatg

Aacagtatgg

721 tcgcatttgt attttcttca ctaaaaatac catggatgtc aatacatcat

Gaaacttcac

781 acgtgagtag aatgatcgac taagtttcat accgcgaaat ttcagttttt

Ttttattttt

841 tctagtattt tttatgaatt tactattcac gtgggtgcgc ggcgatccat

Gttcaccttt

901 gtattttcgc gagtcgcacg ccttgccata ttctttcttc tcattgcttt

Agtggttg

961 cacgtcctat ccatgcaaag gtcaggtgtg cgtttagctc cttgagacac

Tacaattcaa

1021 tgaaaacgcc ctctgcttcc ttgagtccca attgcttcgg accagatgtc

Ggtaatttgg

1081 cgccatcgtg gttcacggtc accggtgcct ctctgcttcc ccgcgtccag

Ataacttgga

1141 gaaacacaag acctatntaa tagtactccc atctgtttca

aaatatatta gtgtcaagaa

1201 cgttcttata ttgggggacg gagcgagtaa caactgtctg tcccttctag

Ccttcacttc

1261 gtcacgagcc taccagccgt ccaaccccag ccttcactag ttcactgtgt

Taagcaagca

1321 ggaagttgcc tcttgnttaa cactgcaaag ccgaaagccc ccacacgccc

Agcaggagaa

1381 aagtcacatg aggtatntaa cgccactntaa tntaatccta

cacggtccca tcgacaccag

1441 ctgtttgtac gccggcatcc cgaccgctgt cttcagcgcg ttcatacatt

Cgaagctcca

1501 gcacagcaca taactataaa tacatctcac aactccaca gatgccaaca

Gcgaacactc

1561 cactcaagc tcaagtatct cgcaccggag tagctcacac tcctcactaa

Gatcaagcac

1621 caagctcgac tgctcagaaa ggaagcgccg agcactctgc cggttgcat

Gggcatgggc

1681 cttgagatct cgagctcctc ccctcctct tccaacgaga acgcgttggt

Ggccaagcgc

1741 ccggcggggc gcaccaagtt ccgggagaca aggcaccggt tgtaccgctg

Cgtgcggcgc

1801 cggggcaacg ccgaacggtg ggtctgcgag gtgcgcgtcc ccggcaagcg

Cggcgcgagg

1861 ctctggctcg ggacgtatgc cacggccgag atcgcagcgc gcgccaacga

Cgccgcatg

1921 ctcgccctgg gcggccgctc cgccgcgctg ctcaacttcc cggactccgc

Gtggtgctc

1981 gccgtgccgt ccgcgcactc cgatctcgcc gacgtccggt gcgcgccggt

Cgaggccgtc

2041 gcggatttgc agcgacggga ggctgccggt gggccatca

ccgccaccgt caacgaggag

2101 gcctcctgtg gcgctcctgc ggagtcgtcg tcggagtctg acgatgccgg

Ttcgtcggag

2161 acgtcgaaac cttctgcccg tggggacttt gcgctgccgg gcggaatgga

cgtcgaaatg

2221 ttcagtaggc ttgacttggt cccggaacg gacttgggct cgtactacgc

Gagcctcgcg

2281 gaggcgctgc tcatggacc accgccggtg gcgaccggca ccggcgcgta

Ctgggatgac

2341 ggagagtctg gcgaggtggc aactgagttc gcgctctgga gcttgtagcc

Gattctgcta

2401 tgttttgact ctgtagtctt ttttttttc cagttgagaa ttcattataa

Cacagtttta

2461 ttccactggt tatactcggg ttttctggaa aagaattcta taagaccagg

tctcacgtga

ANNEXES .06

La séquence du gène WCOR410 « *Triticum aestivum* »

1 aaaagccaca agccaagaac caataacttga tctggtgttt ccttttagctc
Ccggaagact

61 ttttagctgca ccgatcgcgc tcgatcatgg aggatgagag gagcaccag
Tcgtaccagg

121 gaggtgaggc cgccgagcag gtggaggtga cggacagggg cctcctcggc
Aacctcctcg

181 gcaagaagaa ggctgaggag gacaaggaga aggaggagga gctggtcacc
Ggcatggaga

241 aggtctccgt ggaagagccc gaggtcaaga aggaggagca
cgaggatggc gagaagaagg

301 agaccctctt ctccaagctg caccgatcca gctccagctc cagctcgtct
Agtgacgagg

361 aagaagagga ggtgatcgc gacaacggcg aggtgatcaa gaggaagaag
Aagaaggggc

421 tcaaggaaaa gctccagggg aagctgcccg gccacaagga caccgagggt
Gagcacgtga

481 cggggctacc ggcaccggcg gccccgcgt ctgtgcagac ccacggcggc
Caccatgaca

541 ccgacgtcgt cgtcgagaag atcgacggcg acgtgaagac agaggcggca
Ccggcagtgc

601 ccgaggagga gaagaaaggc ttcttgaaa agatcaagga gaagctgccc

Ggcggccaca

661 agaagccgga ggacgctgct gcggtgcccg tcacgcacgc tgctccagca

Ccagtgcacg

721 cgccggtgcc ggccccgag gaggtgagca gccctgacgc gaaggagaag

Aagggcctgc

781 tgggcaagat catggacaag ctgcctgggtt accacaagac aggggaggag

Gacaaggccg

841 ccgccgctac aggcgagcac aagcccagcg cttgatcgcc gccgtgcccg

agaccogtga

901 ccggacctcg attgaattgt tggcgtgtgt tgtgtttgct ttacgtctaa

Gttggtgtca

961 aggtgggagg ggttgatcgt ctttgaaggt ccggtccgtg aagcccgttc

Agtgacgggt

1021 gcttctgttt cagtttggtt cagagtcagg tcctggatgt tgtcaagttt

Gtttacttat

1081 gggcacttgt gtattggttt attgctgggc attatgcctt

gatattaaag atttcc

ANNEXES .07

La séquence du gène WCS66 « *Triticum aestivum* »

1 cggccgcacc acacaagcaa gagaagtaaa acacagcagc actagtggat
Ttcacgactg

61 agaaggtcgg ctcaagatgg accaccaagc acacggcgcc ggcgagaaga
Agggcatcat

121 ggagaagatc aaggagaagc tccccggcgg ccacggtgac cacaaggaga
Ccgctggcgc

181 ccacgggcac gccggcacgg tgacgcatgg cgccccggcc actggtggtg
Cctacgggca

241 ggaggggtcac accggaacca ccggcacggg gttgcatggc gcccacgccg
Gcgagaagaa

301 gggcgtcatg gagaacatca aggacaagct ccccggtggc catgctgacc
Accagcagac

361 tgggtggcacc tatggggcagc agggacatac cgggtacggcg acgcatggca
Cccttgcgac

421 tgggtggcacc tatggggcagc aggggcatac cggcacggcg atgcatggca
Ccccggcgac

481 caatggcacc tatgggggagc acggacatac cggcacggcg accggtggca
Gctacgggga

541 gcaaagacat accggagtga ccggcacggg gacgcacgac
atcggcgaga agaagagcct

601 catggagaac atcaaggaga agctccctgg tggccatggt gacaaccaac
agaccgctgg

661 cacctacggg cagcagggac acttcgccac ggggacgcat ggcacccccg

Cgaccggtgg

721 cacctatggg gagcagggac acgctggagt gaccggcacg gggacgcacg

Gcaccggcga

781 gaagaagggc ctcatggaga acatcaagga caagctccct ggtggccacg

Gtgaccacca

841 gcagaccggt ggcacctacg ggcagcaggg acacaccggc gcggcgacac

Atggcacccc

901 ggctggcggc ggcacctatg agcagcacgg acacactggg atgaccggca

Cggggacaca

961 cggtaccggc ggaagaagg gcgtcatgga gaacatcaag gacaagctcc

Ctgggtggcca

1021 cagtgacaac cagcagaccg gtggagccta cgagcagcag ggacacaccg

Gcgcggcgac

1081 gcatggcacc ccggccagcg gcggcaccta tgagcagcac ggacacaccg

Ggatgaccgg

1141 cacggggaca cacggcactg gcgagaagaa ggccgtcatg gagaacatca

Aggacaagct

1201 ccctggtggc cacggtgacc accagcagac cgggtggagcc tacgggcagc

Agggacacac

1261 cggcacggcg acgcatggca ccccgccggc cggcggcacc tatgagcagc

Acggtaacac

1321 tggaatgacc ggcacggaga cgcattggcac cacggccacc ggcggcacc

Atgggcagca

1381 cggacacacg ggaactactg gcaactgggac acacggcacc gacggggctcg

Gcgagaagaa

1441 gagcctcatg gacaagatca aggacaagct acctggacag cactgagccc

Ggtctgcccg

1501 cggccgctac ccttgcagaa taataacccc accgtgtata agttgattga

Gtctagttca

1561 cctagctcac ttggtcgttg gaggagagaa tgtattatgt atcttgttta

Aagttttcac

1621 ggacgcggc

Nom :Meziani Prénom Abdallah

Lezzar Housse mlotfi

Mémoire pour l'obtention du diplôme de : Master en Biologie et Génomique Végétales

Domaine : Sciences de la Nature et de la Vie

Filière : Sciences Biologiques

Spécialité : Biologie et Génomique Végétales

Option :

Thème : Recherche *in silico* et conception d'amorce des gènes de tolérance au stress abiotique chez le blé

Résumé :

Le stress abiotique affecte le rendement des plantes notamment les céréales

(le blé) plusieurs techniques ont été utilisées à travers l'histoire (sélection massale, sélection généalogique, *in vitro*, *in vivo*...).

Une nouvelle branche de la biologie a été créée à savoir l'approche *in silico* dont le but étant que les recherches des laboratoires soient traitées et regroupées dans des banques de données qui pour la plupart sont accessibles à tous les biologistes.

Le présent mémoire vise à rechercher des gènes de résistance aux stress abiotiques par la recherche *in silico* et conception d'amorce. Dans cette recherche plusieurs

gènes ont été repérés avec la désignation de trente-cinq amorces, relatives à ces gènes.

Ces données serviront comme base de données pouvant être utilisées dans des laboratoires

de recherche.

Jury d'évaluation :

Président du jury : Kellou kamel MAA

Rapporteur : Bousba ratiba MCA

Examineurs : Mouellef adra MAA

Année universitaire : 2014/2015