

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 Frères Mentouri Constantine

Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie

Département de Biologie Appliquée

جامعة الاخوة منتوري قسنطينة

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 :

Création d'une base de données pour les Marqueurs moléculaires liés à la résistance aux maladies fongiques chez le blé

Présenté par : MEHENNI Ikhlas

Le 18/06/2023

TALBI Roufeida

Jury d'évaluation :

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

Président: Dr. DAAS Mohamed (M.C.A - Université Frères Mentouri, Constantine1).

Examinatrice : Dr. HALMI Sihem (M.C.A - Université Frères Mentouri, Constantine 1).

Année universitaire

2022 - 2023

Remerciements

Nous remercions, avant tout " ALLAH " tout puissant de nous avoir accordé la force, le courage et la patience pour terminer ce travail.

Nous tenons en premier à présenter nos remerciements les plus chaleureux à notre professeur **Dr. TEMAGOULT Mahmoud** qui a accepté de nous encadrer et pour son soutien infaillible, en particulier sa patience et sa bienveillance envers nous.

Ensuite, nous tenons à remercier

M. DAAS Mohamed Skander, Maître de Conférences à l'Université des Frères Mentouri Constantine, qui a accepté et bien voulu nous faire l'honneur de présider le jury.

Mme **HALMI Sihem**, Maître de Conférences à l'université des Frères Mentouri Constantine, de nous avoir honorés en acceptant d'examiner ce travail.

Nos enseignants de la spécialité Bioinformatique pour leur pertinence, patience et disponibilité exemplaires en tant qu'enseignants d'une abnégation inouïe.

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

Merci à tous.

Dédicace

Je dédie cette mémoire à toutes les personnes qui m'ont soutenu tout au long de mon parcours académique et qui ont contribué à ma croissance et à mon succès.

Avant tout, je dédie cette mémoire à ma famille. À mes parents mon père "ALI", et ma mère "DJAMILLA" qui ont été mes piliers et ont cultivé en moi l'amour de l'apprentissage. Votre soutien continu, vos sacrifices et votre foi totale en moi ont été essentiels pour façonner ma personnalité. Je suis éternellement reconnaissant pour votre encouragement infini et pour avoir créé des opportunités pour que je poursuive mes rêves.

À mes sœurs, "ABIR ", "NOURHANE", "IMANE", "TAKWA ", "ARWA" je vous remercie de comprendre les nombreuses heures que j'ai passées à faire des recherches, à écrire et à réviser. Votre confiance en mes capacités et votre soutien constant qui m'ont motivé à viser l'excellence.

A celle qui a écrit avec moi le nom de la sœur avant l'amie, à ma collègue dans ce travail et ma compagne sur ce chemin, "ROUFEIDA," merci de m'avoir soutenue dans mes moments de désespoir et pour votre soutien continu. Je vous remercie pour tous les souvenirs et moments que nous avons vécus et passés ensemble.

Je tiens également à exprimer ma profonde gratitude envers mes enseignants et mes guides pour leurs conseils précieux tout au long de l'écriture de cette mémoire. Votre engagement infini envers ma réussite et votre motivation constante à approfondir mes recherches. Merci de partager vos connaissances, votre expertise et votre dévouement à transmettre le savoir et à m'inspirer pour élargir mes horizons intellectuels, ce qui a grandement contribué à la qualité de cette mémoire.

IKHLAS

Dédicace

Je dédie ce travail à ...

*À Mes très Chers parents “**Abdalli**” ET “**Salih**a”*

Je tiens à exprimer ma gratitude et ma reconnaissance. Vous avez su m’inculquer le sens de la responsabilité, de l’optimisme et de la confiance en soi face aux difficultés de la vie. Je vous dois ce que je suis aujourd’hui et ce que je serai demain et je ferai toujours de mon mieux pour rester votre fierté et ne jamais vous décevoir. Que Dieu le tout puissant vous préserve.

*À mon cher petit frère et mon ami “**Nour Islam**”, à ma chère sœur “**Anfel**” et à mes chers grands frères “**Oussama**”, “**Mohamed Amine**”, 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.*

*À ma collègue de mémoire, ma deuxième sœur et compagne de route, “**Ikhlas**”, merci pour ton soutien tout au long de notre parcours universitaire et pour tous les moments merveilleux que nous avons partagés ensemble à l’université et en dehors.*

Enfin, je souhaite remercier tous ceux qui ont contribué à cette étude, que ce soit par leur participation active, leur soutien logistique ou leurs commentaires constructifs. Votre engagement et votre implication ont été une source d’inspiration pour moi.

ROUFEIDA

TABLE DES MATIÈRES

Introduction	1
Générale.....	1
Chapitre I : Revue bibliographique.....	1
1 Généralité sur le blé	4
1.1 Taxonomie.....	4
1.1.1 Classification.....	4
1.1.1.1 Systématique	4
1.1.1.2 Génétique	5
1.1.2 La morphologie.....	6
1.1.2.1 L'appareil végétatif	6
1.1.2.2 L'Appareil reproducteur	6
1.2 Cycle de développement du blé.....	6
1.3 Importance.....	7
1.3.1 Dans le monde	7
1.3.2 En Algérie.....	8
2 Principales maladies fongiques chez le blé.....	8
2.1 Maladie sur feuillage.....	9
2.1.1 Rouille.....	10
2.1.1.1 Rouille jaune (YR - Yellow rust).....	10
2.1.1.2 Rouille brune ou Rouille des feuilles (LR - Leaf Rust).....	10
2.1.1.3 Rouille noire ou Rouille de la tige (SR - Stem rust)	11
2.1.2 Tache bronzée	12
2.1.3 Oïdium (PM - Powdery mildew).....	13
2.1.4 Septoriose	14
2.2 Maladie des pourritures racinaires	15
2.2.1 Le piétin-vers	15
2.2.2 Le piétin échaudage.....	16
2.3 Maladie sur épi	18
2.3.1 Le charbon nu	18

2.3.2	Les caries	18
2.3.3	La fusariose de l'épi	20
2.3.4	La Septoriose de l'épi	21
3	Marqueurs moléculaires et les gènes de résistances.....	22
3.1	Définition.....	22
3.1.1	Gènes de résistances	22
3.1.2	Marqueurs moléculaires	23
3.2	La qualité d'un bon marqueur moléculaire.....	23
3.3	Catégorie de marqueur moléculaire.....	23
3.3.1	Marqueur moléculaire RFLP	24
3.3.2	Marqueur moléculaire de type PCR.....	24
3.3.2.1	Microsatellites ou SSRs.....	24
3.3.2.2	La technique A F L P	25
3.3.2.3	La technique RAPD	25
3.3.2.4	Marqueur de type SNP.....	25
4	Bio-informatique	26
4.1	Définition.....	26
4.2	Bases et banques de données	27
4.2.1	Banques de données	27
4.2.2	Bases de données.....	27
4.3	Technologie web	27
4.3.1	Sites web	28
4.3.2	Application web	28
	Chapitre II : Matériel et Méthodes	4
1	Matériel	31
2	Méthode.....	31
2.1	Outils informatiques.....	31
2.2	Mode d'opérateur.....	32
2.2.1	Recherche sur les gènes de la résistance.....	32
2.2.2	Recherche des séquences des gènes.....	35

2.2.3	Recherche des données des gènes.....	36
2.3	Création de l'application web	38
2.4	Création de la base de données	40
Chapitre III : Résultats et discussion.....		42
Conclusion.....		44
Références Bibliographiques		50
Résumé.....		55

LISTE DES FIGURES

Figure 1: Représentation schématique de l'histoire évolutive des espèces de <i>Triticum</i> et <i>Aegilops</i>	5
Figure 2: Cycle de développement du blé.....	7
Figure 3: Production en volume de blé au niveau mondial entre 2015/2016 et 2021/2022.....	7
Figure 4: Les parties de la plante sur lesquelles les maladies sont visibles	9
Figure 5: Rouille jaune.....	10
Figure 6: Photo de rouille brune sur feuille de blé.....	10
Figure 7: Cycle de développement de la rouille brune.....	11
Figure 8: Rouille de la tige.....	12
Figure 9: Tache bronzée du blé.....	12
Figure 10: L'oïdium du blé.....	13
Figure 11: Cycle de développement de l'oïdium.....	14
Figure 12: Feuille de blé infectée par la septoriose (<i>S tritici</i>).....	15
Figure 13: Le piétin –verse.....	15
Figure 14: Le piétin échaudage.....	17
Figure 15: Charbon nu du blé <i>Ustilago tritici</i>	18
Figure 16: Symptômes provoqués par la carie commune du blé sur les épis cariés (représentés à droite), par rapport à des épis sains (à gauche).....	19
Figure 17: Fusariose de l'épi du blé.	20
Figure 18: La Septoriose de l'épi.....	21
Figure 19: Interface de MIGREW.....	33
Figure 20: Interface de MASWheat.	33
Figure 21: Liste des protocoles disponible sur MASWheat.....	34
Figure 22: Conditions de PCR.....	34
Figure 23: Interface GENBANK.....	35
Figure 24: Interface GrainGenes.....	36
Figure 25: Localisation de gène Yr15.....	36
Figure 26: Interface de création de base de données.....	37
Figure 27: Capture d'écran du code source de la page Home.	38
Figure 28: Capture d'écran du code source de la page wheat.....	38
Figure 29: Capture d'écran du code source de la page fungal diseases.....	39
Figure 30: Capture d'écran du code source de la page Protocols.	39

Figure 31: Capture d'écran du code source de la page detail.	40
Figure 32: capture d'écran sur le model de base de données.....	41
Figure 33 : Interface de création de base de données.....	41
Figure 34: Interface application web GRWFDM.....	44
Figure 35: Interface des deux espèces de blé.	45
Figure 36: Interface des maladies fongiques.....	45
Figure 37: Interface du protocoles.	46
Figure 38: Interface de page detail	46

Liste des tableaux

Tableau 1: Classification botanique du blé	4
Tableau 2: Conditions favorisant de développement des maladies foliaires du blé.....	9
Tableau 3: Représentants les caractéristiques des principaux marqueurs	26

LISTE DES ABREVIATIONS

ADN	: Acide désoxyribonucléique.
AFLP	: Amplified Fragment Length Polymorphisme.
CDS	: Séquence ADN codant.
CSS	: Cascading Style Sheet.
GRWFDM	: Genetic Resistance of Wheat against Fungal Disease through Molecular Markers.
Http	: HyperText Transfer Protocol.
HTML	: Hyper Text Markup Language.
LR	: Leaf Rust.
NCBI	: National Center for Biotechnology Information.
PM	: Powdery mildew.
PR	: Pathogenesis-Related.
RAPD	: Random Amplified Polymorphic DNA.
RFLP	: Restriction Fragment Length Polymorphisme.
SAM	: Sélection assistée par marqueurs.
SAU	: Superficie agricole utile.
SNP	: Single Nucleotide Polymorphisme.
SR	: Stem rust.
SSR	: Simple Séquence Repeat.
<i>T.turgidum</i>	: <i>Triticum turgidum</i> .
<i>T.aestivum</i>	: <i>Triticum aestivum</i> .
Tm	: Melting temperature.
Primer F	: Forward primer.
Primer R	: Reverse primer.
VS Code	: Visual Studio Code.

Introduction

Générale

Le blé est une plante annuelle appartenant au genre *Triticum* et est l'une des plus grandes céréales cultivées au monde par sa superficie, avec le maïs et le riz. Outre le riz, source de nourriture humaine, sa consommation remonte à l'Antiquité. (Samoulian, 2009).

Il représente 19 % de la production totale des principales cultures céréalières mondiales. Avec l'augmentation continue de la population et de la demande de production alimentaire mondiale, il est urgent d'augmenter la production de blé de 40 à 60 % pour répondre aux besoins du monde en développement au cours des 40 prochaines années. Cependant, les stress biotiques sont des obstacles majeurs à l'atteinte de cet objectif. Parmi ces stress figurent les maladies fongiques qui menacent sérieusement la qualité de cette culture. La Création des variétés résistantes par la sélection par des méthodes traditionnelles est long, complexe et lent, c'est pourquoi, les chercheurs ont travaillé à trouver des moyens de contrôler ces maladies en sélectionnant des variétés résistantes, basées sur la biologie moléculaire afin que les marqueurs moléculaires offrent une excellente alternative pour développer des variétés améliorées résistantes aux maladies qui conduisent à une productivité plus élevée. Ils sont utilisés pour identifier d'importants gènes de résistance aux maladies et fournissent une aide précieuse pour augmenter l'efficacité de la sélection de caractères précieux au moyen de la sélection assistée par marqueurs (SAM). (Goutam *et al.*, 2015).

L'utilisation de l'outil informatique s'avère très utile dans la collecte et la mise à disposition des informations nécessaires au développement des programmes de sélection qui s'appuient sur le marquage moléculaire.

L'objectif de notre travail est de réaliser une synthèse bioinformatique portant sur deux espèces de *Triticum* et certaines maladies fongiques afin de développer une base de données sous forme d'application web sur les différents gènes de résistance de ces maladies accessible aux chercheurs.

Le présent mémoire est structuré en trois chapitres

Le premier chapitre : Une synthèse bibliographique sur le blé et les maladies fongiques auxquelles il est exposé.

Le deuxième chapitre : décrit le matériel et les méthodes utilisés dans ce mémoire présenté les bases de données, banque de données et les outils informatiques.

Le troisième chapitre : présent une discussion des résultats, une conclusion et des perspectives.

Chapitre I :
Revue
bibliographique

1 Généralité sur le blé

Le blé est un produit stratégique et une source alimentaire majeure, la céréale la plus répandue et la plus consommée dans le monde. Domesticé au Proche-Orient à partir d'une graminée sauvage il y a environ 10.000 ans, il compte actuellement quelque 30.000 formes cultivées. Le mot blé a longtemps désigné toute une série de céréales, dont le seigle, le sorgho et le mil. Le latin, plus précis, identifie sous le genre *Triticum* les espèces céréalières auxquelles il est légitime de donner le nom de blé.

Il existe un très grand nombre de variétés de blé nous citerons deux types principaux : le blé tendre (*Triticum aestivum*) et le blé dur (*Triticum durum*). (Ait–Slimane-Ait-Kaki, 2008).

1.1 Taxonomie

1.1.1 Classification

1.1.1.1 Systématique

Le blé est une plante annuelle de la classe des monocotylédones, famille des Graminées appartenant au genre *Triticum*. (Féillet, 2000). Se différencie par leur degré de ploïdie et par leur nombre de chromosomes. Les génomes de ces espèces sont constitués d'un nombre de chromosomes multiple de 7. Ces génomes sont dits « homologues » (Olivia *et al.* 2005).

Le blé obéit à la classification suivante :

Tableau 1: Classification botanique du blé (DOUMANJI *et al.*2003).

Règne	Plantae
Division	Mgnoliophyta
Classe	Liliopsida
S/Classe	Commelinidae
Ordre	Poale
Fmille	Poaceae
S/Famille	Triticeae
Tribu	Tritceae
S/Ttribu	Triticinae
Genre	<i>Triticum</i>

1.1.2 La morphologie

1.1.2.1 L'appareil végétatif

Au cours de développement de toute céréale, il y a deux systèmes racinaires successifs :

- Le système racinaire primaire : fonctionnel de la germination au début tallage, ce système est constitué d'une racine principale il est remplacé par un système de racines adventices pour assurer la nutrition et le développement de la plante.
- Le système racinaire secondaire ou tallage (ou système coronaire) : apparaît au moment où la plante émet des talles ; il est de type fasciculé et assez développé (Belaid, 1996).
- Le système aérien : Elle est composée de plusieurs longues tiges herbacées, cylindriques, grêles, non ramifiées, renflées au niveau des nœuds. Les tiges sont pleines au niveau des nœuds et creuses dans les entre-nœuds. De telles tiges, appelées chaumes, sont, grâce à cette structure, à la fois souples et résistantes (Olivia *et al.* 2005).

1.1.2.2 L'Appareil reproducteur

Appareil reproducteur : Les fleurs sont groupées en inflorescence. Correspondant à l'épi dont l'unité morphologique de base est l'épillet. Le blé dur, le blé tendre et l'orge sont des plantes autogames ou à autofécondation (Morsli, 2010).

Le grain : Le grain est un caryopse ou fruit sec indéhiscant

1.2 Cycle de développement du blé

Le cycle de développement du blé passe par deux périodes : une période végétative (germination, pré-tallage et tallage) et une période reproductrice (redressement, montaison, épisaison, floraison et maturation) (Morsli, 2010).

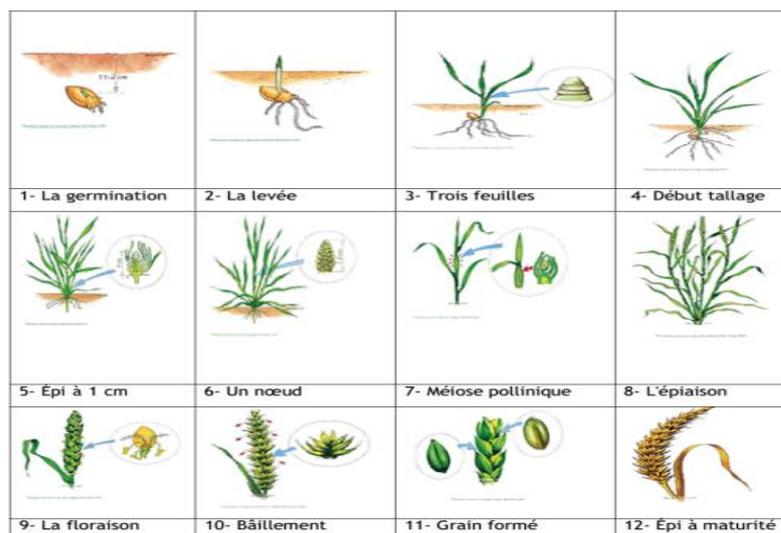


Figure 2: Cycle de développement du blé (Soltner, 2005).

1.3 Importance

1.3.1 Dans le monde

Le blé occupe une place importante dans la production agricole et constitue la nourriture de base pour 35% de la production mondiale (Hamel L., 2010). Le taux de production mondiale de blé a doublé entre le début de la décennie 1970 et les années 2010, passant de 330 à environ 700 millions de tonnes (Mt) (Sébastien Abis, 2015).

Elle s'élève à 659,6 Mt en 2013 (FAO, 2013)

Moins médiatisé que le pétrole, le blé est partout dans le quotidien des consommateurs, comme en Asie ou en Amérique latine où de nouvelles couches de la population découvrent le pain. (Sébastien Abis, 2015).

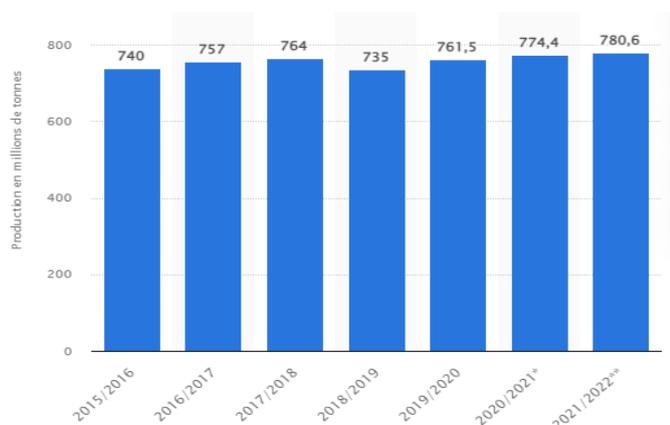


Figure 3: Production en volume de blé au niveau mondial entre 2015/2016 et 2021/2022 (En millions de tonnes) (Anonyme 1).

1.3.2 En Algérie

Dans l'agriculture nationale algérienne, les céréales occupent environ 80% de la superficie agricole utile (SAU) du pays. L'Algérie est la 5ème dans le classement mondial de consommation des céréales (Djermoun, 2009). La superficie emblavée annuellement en céréales se situe entre 3 et 3,5 million d'Hectare, les grandes régions céréalières sont situées dans leur majorité sur les hauts plateaux, y compris Sidi Bel Abbés, Tiaret, Sétif et El Eulma. Ces régions sont caractérisées par des hivers froids, un régime pluviométrique irrégulier, des gelées printanières et des vents chauds desséchant (Belaid, 1996; Djekoun *et al.*, 2002).

En 2003, le blé dur représentait environ 47% des intrants de la filière et le blé tendre 53%, ce qui traduit par une mutation dans la structure de la consommation alimentaire (Bencharif *et al.*, 2007).

2 Principales maladies fongiques chez le blé

La culture du blé est souvent exposée à des contraintes environnementales et à des pressions abiotiques et biotiques, ce qui entraîne une réduction de la production végétale et une diminution de sa qualité.

Les maladies causées par les champignons sont plus dangereuses pour le rendement des cultures et la qualité des grains que celles causées par les bactéries et les virus. Depuis lors, les agents pathogènes fongiques sont devenus hautement adaptables et peuvent rapidement évoluer vers de nouvelles souches pouvant infecter des plantes résistantes aux maladies antérieures. L'incidence des maladies fongiques du blé est influencée par divers facteurs, à savoir la nature de l'agent pathogène, la sensibilité de l'hôte, la diversité de la virulence, la densité de l'inoculum et la température. (Rajaram et Van Ginkel, 1996 ; McIntosh *et al.*, 1998).

Selon Aouali et Douici-Khalfi (2009), les maladies des céréales peuvent être regroupées selon les symptômes qu'elles induisent et les parties qu'elles affectent. De ce fait, on distingue :

- Maladies causant des symptômes localisés sur feuillage.
- Maladies causant des pourritures racinaires.
- Maladies causant des symptômes sur les épis.

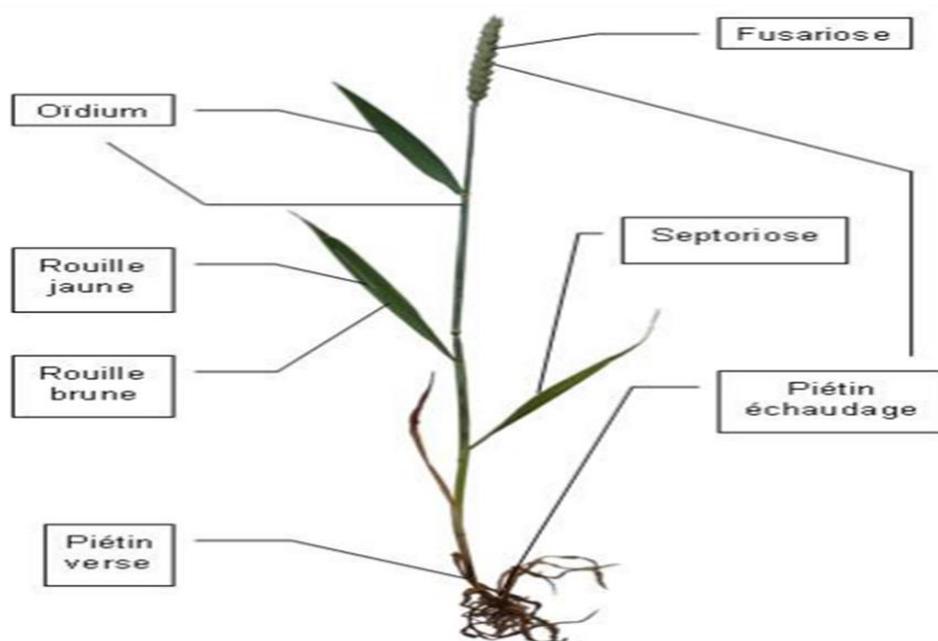


Figure 4: Les parties de la plante sur lesquelles les maladies sont visible (Anonyme 2).

2.1 Maladie sur feuillage

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

Tableau 2: Conditions favorisant de développement des maladies foliaires du blé (Boulif, 2012).

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 triticina</i>	24 - 36	6	20 - 26	37

2.1.1 Rouille

2.1.1.1 Rouille jaune (YR - Yellow rust)

Infection foliaire des céréales, causée par le champignon basidial biotrophe *Puccinia Striiformis*. Il apparaît sur les gaines foliaires, les feuilles, les épis et les arêtes sous forme de rangées jaunes ou de groupes d'urediniopustules jaune citron avec une chlorose autour. Les facteurs favorables sont le temps frais aux premiers stades et les fortes précipitations pendant la période d'épiaison du développement du blé. (Anonyme 3).



Figure 5: Rouille jaune (Anonyme 3).

2.1.1.2 Rouille brune ou Rouille des feuilles (LR - Leaf Rust)

Les symptômes causés par *Puccinia recondita f.sp. tritici* se caractérisent par petites pustules circulaires ou ovales de couleur orange ou brune (urédospores), apparaissent sur la face supérieure des feuilles (Lamari et al., 1991 ; Sayoud et al., 1999 ; Ezzahiri, 2001) et parfois sur la face inférieure des feuilles. En fin de saison, ces pustules prennent une couleur noire (téleutospores) (Aouali et Douici-Khalfi, 2009 ; Ezzahiri, 2001).



Figure 6: Photo de rouille brune sur feuille de blé (Lauzon et al., 2007)

- 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).

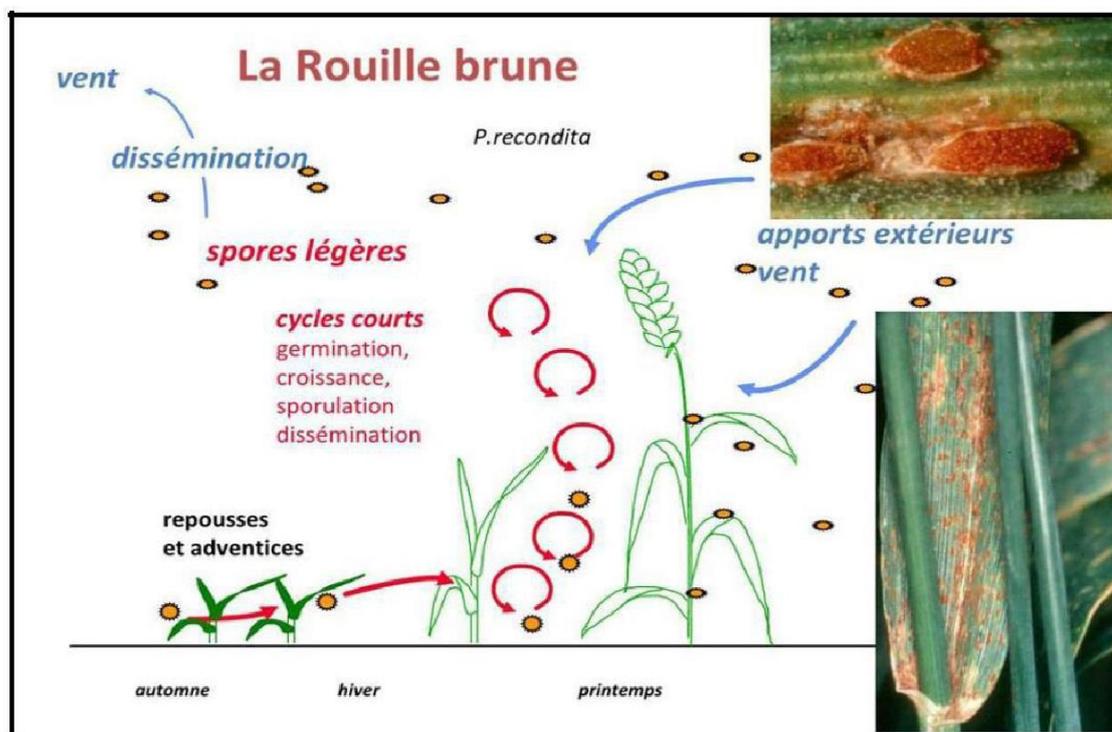


Figure 7: Cycle de développement de la rouille brune (Abdi, 2015).

2.1.1.3 Rouille noire ou Rouille de la tige (SR - Stem rust)

Infection des feuilles et des tiges des céréales, causée par le champignon basidial biotrophe *Puccinia graminis*. La maladie apparaît principalement sur les tiges sous forme de pustules allongées rouge-brun qui se confond avec leur développement. Des pertes de récolte importantes dues aux épidémies de rouille de la tige sont typiques dans des conditions

favorables : humidité élevée et température quotidienne élevée pendant les premiers stades de développement du blé. (Anonyme 3) .



Figure 8: Rouille de la tige (Anonyme 3).

2.1.2 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 prématurée des feuilles et entraîne une diminution importante du rendement (Yahyaoui, 2003).



Figure 9: Tache bronzée du blé (Syngenta, 2022).

- Cycle de développements de la Tache bronzée

Les symptômes apparaissent durant la montaison jusqu'à la maturité. L'agent pathogène se conserve sous forme de spores et de mycélium sur les résidus du blé (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 des conditions humides et des températures optimales entre 18 et 28°C et aussi par une durée d'humectation du feuillage de 24 à 48 heures (Aouali et Douici-Khalfi, 2009).

2.1.3 Oïdium (PM - Powdery mildew)

Infection des feuilles et des tiges de céréales, causée par le champignon ascomycète *Blumeria graminis*. L'oïdium infecte principalement les feuilles mais aussi les tiges, les gaines foliaires, les épis et les arêtes présentant des taches poudreuses blanches. L'oïdium peut se propager sur toute la longueur de la plante dans les conditions préférées : à basse température et à forte humidité. Les pertes de récolte peuvent atteindre 10 -15% ou parfois 30-35%. (Anonyme 4).



Figure 10: L'oïdium du blé (BASF, 2019).

- 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 hyphes court et fin se développe directement dans les

rectangulaires chlorotiques, de taille varie pour qu'elles ensuite deviennent nécrotiques (Ben slimane, 2011).



Figure 12: Feuille de blé infectée par la septoriose (*S tritici*)
(Anonyme, 2009).

2.2 Maladie des pourritures racinaires

La pourriture racinaire ou la pourriture de pied ou encore la pourriture commune, sont des appellations décrivant une même maladie due à différents agents fongiques du genre *Fusarium* (*Fusarium culmorum* ; *Fusarium graminearum*, *Fusarium avenaceam*) 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).

2.2.1 Le piétin-vers

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 13: Le piétin –verse (BASF, 2019).

- Agent pathogène

Oculimacula ou *Tapesia acuformis* et *Oculimacula* ou *Tapesia yallundae*.

- 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 noeud 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 nécrotique les tissus de la tige n'offriront plus aucune résistance et une verse parasitaire pourra être observée (Masson *et al.*, 2019).

- Cycle de vie

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. (El hadj Hammiche, 2013).

2.2.2 Le piétin échaudage

Est une maladie du pied, causé par un champignon (*Gaeumannomyces graminis*) 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. (Aouali *et al.*, 2009).



Figure 14: Le piétin échaudage (Syngenta ,2022).

- 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 épiaison, 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.

- 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).

2.3 Maladie sur épi

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*). (SAHRI *et al.*, 2019).

2.3.1 Le 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).



Figure 15: Charbon nu du blé *Ustilago tritici* (Bonjean, 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).

2.3.2 Les caries

La carie est une maladie très ancienne décrite par Pline l'Ancien (23-79) et dont l'origine fut découverte en 1750 par le naturaliste Tillet. La carie fut notamment la maladie la plus destructrice de blé en région Pacifique Nord-Ouest. Les conséquences économiques pour la

filière semence sont importantes puisque les lots cariés ou boutés ne sont pas commercialisables. (GAMBARO Sophie, 2017).



Figure 16: Symptômes provoqués par la carie commune du blé sur les épis cariés (représentés à droite), par rapport à des épis sains (à gauche).(GAMBARO Sophie, 2017).

- Agent pathogène

La carie commune du blé est une maladie provoquée principalement par l'agent *Tilletia caries* (appelée aussi *T.tritici*) mais aussi par *T.levis* (appelé également *T.foetida*). (Wilcoxson *et al.*, 1996).

- Cycle de développement

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 éclatent et libèrent les spores qu'ils contiennent : celles-ci peuvent être transportées par le vent, peuvent se retrouver au niveau du 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 le coléoptile lors de son émergence à la surface du sol. (Rapilly *et al.*, 1971).

Les spores de *T. caries* germent avec un optimum entre 5 et 10°C mais la germination diminue à partir de 22°C (Purdy & Kendrick, 1963). Un pH légèrement alcalin et une humidité de 40-50% de la capacité de rétention en eau du sol est favorable à leur germination. Lors de la phase de germination, les spores appelées probasides germent après fusion des deux noyaux formant alors un tube mycélien (baside). Celui-ci produit des spores haploïdes appelées

sporidies qui fusionnent par paire pour produire un mycélium dicaryotique, pénétrant alors le coléoptile après germination de la graine (Rapilly *et al.*, 1971). 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 (Wilcoxson *et al.*, 1996).

- Les 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).

2.3.3 La fusariose 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).



Figure 17: Fusariose de l'épi du blé (Danjou, 2013).

- 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 R, 2016).

- Symptômes

Présence de la maladie. Sur ces épillets, on peut parfois observer une coloration rose ou orangée qui correspond aux fructifications du champignon. La distribution et le nombre des épillets infectés sont variables ; ils peuvent être regroupés sur une section de l'épi, la presque totalité de l'épi peut être affectée ou encore, on peut observer des symptômes qui sont plutôt limités à de rares épillets décolorés. (Danjou, 2013).

2.3.4 La 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).



Figure 18: La Septoriose de l'épi (Anonyme 4)

- 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 noeuds. 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).

- Cycle de développement

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 R *et al.*, 2016).

3 Marqueurs moléculaires et les gènes de résistances

Le contrôle fongique suivant les approches conventionnelles est simple et efficace, mais provoque des pollutions environnementales. Par conséquent, la meilleure façon de contrôler génétiquement ces maladies consiste à regrouper les gènes de résistance. Le criblage des génotypes est une condition préalable pour y parvenir, ce qui peut être réalisé grâce à des approches morphologiques, biochimiques et moléculaires. (Langridge *et al.*, 2001).

3.1 Définition

3.1.1 Gènes de résistances

Les gènes de résistance aux maladies fongiques chez le blé sont des séquences d'ADN qui codent pour des protéines impliquées dans la reconnaissance et la réponse immunitaire de la plante à des pathogènes fongiques. Ces gènes peuvent être de différents types, tels que les gènes R (pour "Résistance"), qui confèrent une résistance spécifique contre des isolats fongiques portant des avirulences correspondantes, ou les gènes de type PR (pour

"Pathogenesis-Related"), qui sont impliqués dans la production de protéines de défense et de métabolites secondaires. (Aoun *et al.*, 2020).

3.1.2 Marqueurs moléculaires

Un marqueur moléculaire est un locus polymorphe qui renseigne sur le génotype de l'individu qui le porte. Les marqueurs moléculaires correspondent donc au polymorphisme révélé au niveau de l'ADN. L'analyse de ce polymorphisme par les techniques de biologie moléculaire s'adresse à l'ensemble du génome, qu'il soit ou non traduit en protéines, et est indépendante des conditions de l'environnement. (Najimi, 2003).

3.2 La qualité d'un bon marqueur moléculaire

Selon De vienne (1999) un marqueur génétique idéal doit être :

- Polymorphe : la matière première du généticien est la variabilité,
- Multi-allélique : c'est-à-dire possédant plusieurs allèles (donc des séquences d'ADN différentes) sur un même locus (Plomion 2003).
- Co-dominant : l'hétérozygote présente simultanément les caractères des deux parents homozygotes, il peut être distingué de chacun des homozygotes parentaux.
- Non épistatique : son génotype peut être "lu" à partir de son phénotype quel que soit le génotype aux autres locus. La codominance et le non épistasie peuvent être respectivement définis comme l'absence d'interaction intra et inter locus.
- Neutre : les substitutions allélique au locus marqueur n'ont pas d'autre effets phénotypiques (et donc éventuellement sélectifs) que ceux qui permettent de déterminer son génotype. Dans leur très grande majorité les polymorphismes moléculaires sont neutres.
- Insensible au milieu : le génotype peut être inféré à partir du phénotype quel que soit le milieu (De vienne 1998).

3.3 Catégorie de marqueur moléculaire

De nombreuses techniques de marquage moléculaire sont aujourd'hui disponibles, et de nouvelles sont régulièrement publiées (Gupta *et al.*, 2001 ; Langridge *et al.*, 2001 ; Rafalski,

2002a, b). Les caractéristiques de chacune de ces techniques, ses domaines d'applications, son principe et son coût sont largement détaillés dans plusieurs articles de synthèse (Gupta *et al.*, 1999 ; Santoni *et al.*, 2000 ; Langridge *et al.*, 2001).

Ces méthodes peuvent être regroupées en deux grandes catégories : les marqueurs de type RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) et les marqueurs basés sur la méthode de PCR (Polymerase Chain Reaction). Le choix du système de marquage dépend de l'objectif précis fixé, des moyens et des compétences disponibles au laboratoire. (Najimi, 2003).

3.3.1 Marqueur moléculaire RFLP

La technique RFLP développée par Botstein *et al.* (1980) repose sur la mise en évidence de la variabilité de la séquence nucléotidique de l'ADN génomique après digestion par des enzymes de restriction. Les marqueurs RFLP utilisent des enzymes de restriction et des sondes génétiques pour détecter les mutations présentes dans l'ADN. (Najimi, 2003).

3.3.2 Marqueur moléculaire de type PCR

L'avantage de l'utilisation de la technique PCR est qu'elle permet d'analyser les marqueurs moléculaires en peu de temps, tout en utilisant de faibles concentrations d'ADN. (Najimi, 2003).

3.3.2.1 Microsatellites ou SSRs

Ils sont constitués de séquences de di-, tri- ou tétra-nucléotides répétés en tandem. Ces éléments sont uniformément répartis en plusieurs exemplaires sur l'ensemble du génome d'une espèce et présentent un taux de polymorphisme élevé. Ce polymorphisme repose sur la variation du nombre d'unités de répétition constituant le microsatellite. Les séquences flanquant ces éléments répétés permettent de définir les amorces qui seront utilisées pour l'amplification PCR. L'analyse des produits amplifiés s'effectue sur gel d'acrylamide. C'est la paire d'amorces spécifiques des bordures droite et gauche du microsatellite qui constitue le marqueur. (Morgante, Olivieri, 1993).

3.3.2.2 La technique AFLP

Elle est fondée sur la mise en évidence conjointe de polymorphisme de sites de restriction et d'hybridation d'amorces arbitraires. Cette technique utilise à la fois les enzymes de restriction et l'amplification PCR.

3.3.2.3 La technique RAPD

Elle consiste en l'amplification par PCR de fragments de l'ADN génomique en utilisant des amorces arbitraires de taille courte (10 pb). Une amorce RAPD permet généralement l'amplification d'une dizaine de fragments correspondant à des locus dominants. Les produits d'amplification sont généralement visualisés par électrophorèse sur gel d'agarose. Le polymorphisme décelé est dû à des mutations soit dans les régions amplifiées soit au niveau des sites de fixation des amorces. Le polymorphisme révélé est un polymorphisme de sites d'hybridation d'amorce. Les amorces constituent donc les marqueurs.

3.3.2.4 Marqueur de type SNP (Single Nucléotide Polymorphisme)

Les SNP sont des variations naturelles qui ne concernent qu'un seul nucléotide dans une séquence donnée. Comparés aux autres marqueurs moléculaires, les SNP présentent l'avantage d'une répartition homogène dans tout le génome et d'être excessivement nombreux. Ce nombre élevé permet donc potentiellement la création de cartes génétiques à très haute densité.

L'accumulation récente des données de génomes complétement séquencés, de séquences génomiques ainsi que de séquences codantes (EST) a permis de développer des marqueurs SNP chez plusieurs génomes végétaux comme le maïs, le blé (Somers *et al.* 2004).

selon Daniel *et al.* ,(2006) et d'après De vienne, (1999) le tableau suivant nous synthétisera les caractéristiques des principaux marqueurs

Tableau 3: Représentants les caractéristiques des principaux marqueurs

Marqueurs	Neutralité	Nombre	Codo-minance	Spécificité du locus	Poly-morphisme	technicité	Séquence codante
RFLP	Oui	≈illimité	Oui	Oui	Elevé	Elevée	Oui ou non
SSR	Oui /Non	Quelques milliers	Oui	Oui	Très élevé	Elevée	Non
AFLP	Oui	≈illimité	Non	Non	Très élevé	Moyenne	Oui ou non
STS	Oui	limité	Oui	Oui	Modéré	Elevée	Oui

4 Bio-informatique

A l'heure où est technologies à haut débit en génomique et en protéomique envahissent les laboratoires de biologie, les sciences de la vie font face à un déluge de données extraordinairement volumineuses et complexes. Manipuler ces données et en extraire un sens biologique requiert de nouvelles approches basées sur la modélisation et l'informatique. (Jean-Philippe Vert, 2013)

4.1 Définition

La bio-informatique est un domaine interdisciplinaire qui chevauche les frontières de la biologie, principalement contenue dans la séquence des macromolécules (acides nucléiques et protéines) et leur structure tridimensionnelle de l'informatique et des mathématiques. Les systèmes biologiques sont extrêmement complexes et les techniques modernes d'étude du monde biologique fournissent de grandes quantités de données expérimentales, c'est l'intégration de données de sources diverses pour modéliser les systèmes vivants afin de comprendre et prédire leur comportement dans des conditions de fonctionnement normales ou pathologiques (biologie systémique ou systèmes la biologie). à but de stocker «diffuser «traiter « analyser «et Interpréter les données biologiques. (Jean-Philippe Vert, 2013)

Pour aboutir à la formulation de ces modèles et à ces prédictions, il est indispensable de tout d'abord collecter, stocker, et organiser les données à travers la création des bases de données.

4.2 Bases et banques de données

4.2.1 Banques de données

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

4.2.2 Bases de données

Un groupe structuré et organisé qui permet de stocker de grandes quantités d'informations afin de faciliter son utilisation (ajout, mise à jour, recherche et analyse). Beroud C. (2010-2011) Et tout cela se fait grâce à un langage de programmation qui facilite l'accès à ces dernières.

4.3 Technologie web

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

Le web contient plusieurs termes :

- Une page web : document écrit en langage HTML et pouvant contenir des liens vers d'autres ressources (images, musique, etc.) et vers d'autres pages (hyperlien).
- Documents multimédia : image, vidéo.
- Services web : programme qui s'exécute en réponse à une requête HTTP.
- Http : « HyperText Transfer Protocol » est le protocole de communication client-serveur utilisé pour transférer les ressources du web, et la variante sécurisée de ce protocole est Hhttps.
- Navigateur web : (Browser) Un Logiciel pour visionner et interagir avec les informations sur le World Wide Web, capable d'interpréter des codes HTML, CSS...etc. Exemple de navigateurs web : Mozilla Firefox, Google Chrome, opéra,
- URL : Adresse d'une ressource sur le réseau Internet. Elle est formée du protocole à utiliser, du nom de domaine concernant le serveur où se trouve la ressource, du chemin d'accès et du nom local de la ressource.
- Un hyperlien : Un élément ou un texte dans un document permettant la navigation, et mettant en liaison des pages avec d'autres pages et ressources.

4.3.1 Les sites web

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

4.3.2 Application web

Un programme s'exécutant dans un navigateur web, consultable en ligne, pour accéder à l'application il faut cependant avoir une connexion à Internet et un navigateur web. Une application web peut être un jeu, un logiciel de traitement de données, un moteur de recherche, un système de gestion des contenus, une boutique en ligne... etc. (Khallef, A.2016).

- 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, CSS, JavaScript et ses Framework et bibliothèques.

- back end

La partie cachée de l'application web, celle qui s'occupe des processus en coulisse. Le back-end est responsable de la gestion des données, du stockage et de la récupération de l'information, ainsi que de la communication avec d'autres systèmes. Les langages de programmation couramment utilisés pour le développement back-end comprennent PHP, Python, JavaScript et MySQL (un Système de Gestion des Bases des données).

Chapitre II :
Matériel Et
Méthodes

Dans cette étude, des gènes de résistance aux maladies fongiques des plants de blé ont été recherchés, identifiés à l'aide de marqueurs moléculaires, et une base de données contenant diverses informations sur ces gènes ont été créées sous la forme d'une application web afin d'assurer l'accès à ces derniers et faciliter son utilisation par ses utilisateurs.

1 Matériel

Le matériel utilisé dans notre analyse consiste en un ensemble de données biologiques représentées par les séquences nucléotidiques des gènes de résistance aux maladies fongiques chez le gère *Triticum* et les informations qui en découlent, telles que le nom du marqueur moléculaire, le nom du gène, les conditions de la PCR, l'amorce, la Tm...Qui ont été collectés à partir de différentes bases de données.

2 Méthode

Nous avons réussi à obtenir des gènes de résistance aux maladies fongiques chez les plantes de blé et à extraire leurs séquences nucléotidiques et les informations qui y sont associées en utilisant une série de bases de données. Cela a été réalisé en se basant sur la corrélation statistique des informations structurales dans les études in vivo ou in vitro, et en les intégrant dans des bases de données spécifiques, en plus de s'appuyer sur des articles scientifiques documentés.

2.1 Outils informatiques

- Visual Studio Code (VS Code) : Visual Studio Code est un éditeur de code source développé par Microsoft. Il s'agit d'un environnement de développement intégré (IDE), open source et gratuit conçu pour faciliter la programmation et la création d'applications. Visual Studio Code prend en charge de nombreux langages de programmation courants et offre des fonctionnalités telles que la coloration syntaxique, l'autocomplétion, la navigation de code, le débogage, le contrôle de version et l'intégration avec des outils externes.
- HTML : HTML (HyperText Markup Language) est le langage de balisage standard utilisé pour créer et structurer le contenu des pages Web. Il s'agit d'un

langage de programmation de base utilisé pour décrire la structure et la présentation des informations sur une page Web.

- **CSS** : Le CSS (Cascading Style Sheets) est un langage de style utilisé pour définir la présentation et l'apparence des pages HTML. Il permet de contrôler la mise en forme, le positionnement, les couleurs, les polices de caractères, les marges, les bordures, les effets visuels et d'autres aspects visuels d'une page Web. Le CSS fonctionne en associant des règles de style à des éléments HTML spécifiques. Ces règles de style sont généralement définies dans un fichier CSS séparé, qui est ensuite lié à la page HTML à l'aide de la balise <link> ou intégré directement dans la balise <style> de la page HTML.
- **Python** : Python est un langage de programmation interprété de haut niveau qui est simple, polyvalent et facile à utiliser. Python est souvent utilisé dans divers domaines tels que le développement Web, la science des données, l'intelligence artificielle, le développement de jeux, etc. Python utilise une syntaxe propre et facile à comprendre, avec des blocs de code définis par l'indentation. Cette caractéristique favorise la lisibilité du code et réduit le besoin de ponctuation excessive.
- **Django** : Django est un framework web open source basé sur le langage de programmation Python. Il fournit un cadre et un ensemble d'outils pour faciliter le développement rapide d'applications Web et de sites Web robustes et sécurisés. Django fournit une interface d'administration générée automatiquement pour gérer les opérations courantes sur les données. Cette interface permet de créer, lire, mettre à jour et supprimer des enregistrements dans la base de données sans avoir à écrire de code spécifique.

2.2 Mode d'opérateur

2.2.1 Recherche sur les gènes de la résistance

Dans cette étape, deux types de bases de données ont été utilisées :

- **MIGREW** (Migration of Genes for Resistance in Wheat) : 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.

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 associés.

The screenshot shows the NLM PubMed Central interface. At the top, there is the NIH logo and the text 'National Library of Medicine National Center for Biotechnology Information' with a 'Log in' button. Below this is the 'PMC PubMed Central' logo and a search bar containing 'Search PMC Full-Text Archive' and a 'Search in PMC' button. To the right of the search bar are links for 'Advanced Search' and 'User Guide'. The main content area displays the article title 'MIGREW: database on molecular identification of genes for resistance in wheat' and its publication details: 'BMC Bioinformatics. 2019; 20(Suppl 1): 36. Published online 2019 Feb 5. doi: 10.1186/s12859-018-2569-4'. It also provides the PMCID (PMC6362583) and PMID (30717653). On the right side, there are sections for 'OTHER FORMATS' (PubReader, PDF 4.7M), 'ACTIONS' (Cite, Collections), 'SHARE' (Twitter, Facebook, RSS), and 'RESOURCES' (Similar articles, Cited by other). A disclaimer box states: 'As a library, NLM provides access to scientific literature. Inclusion in an NLM database does not imply endorsement of, or agreement with, the contents by NLM or the National Institutes of Health. Learn more about our disclaimer.'

Figure 19: Interface de MIGREW.

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

The screenshot shows the MASWheat website. At the top, there is a navigation bar with 'Home', 'Protocols', and 'News' links, and a search icon. The main content area features a large image of wheat stalks with a yellow box containing the text 'About MASwheat'. To the right, there is a 'News' section with a headline 'More protocols, now with a focus on yield traits' dated July 22, 2022. Below the news section, there are several scientific diagrams and images: a 'Y5 KASP marker' diagram showing gene structure and primer locations; a gel electrophoresis image showing bands for 'RES1837' and 'S22843' markers; and a line graph showing 'Full-Link Coverage' for various wheat varieties.

Figure 20: Interface de MASWheat.

On trouve une liste de protocoles contenant les maladies suivantes : rouille de la tige, rouille rayée, rouille des feuilles, et fusariose de l'épi.

Home Protocols > News

MASWheat Protocols

Protocols

The complete list of protocols available on MASWheat

- [Stem rust resistance genes](#)
- [Stripe rust resistance genes](#)
- [Leaf rust resistance genes](#)
- [Yield and quality traits](#)
- [Fusarium head blight resistance](#)

Recent content

- [Agronomic, Quality and Yield Traits](#)
2 months ago
- [Plant height gene Rht25](#)
2 months ago
- [Polyphenol oxidase \(PPO\) activity](#)
5 months ago
- [WAP01. A candidate gene for spikelet number per spike](#)
8 months ago

Figure 21: Liste des protocoles disponible sur MASWheat.

Chaque maladie on trouve un certain nombre des gènes résistance :

- Rouille de la tige : il ya 28 gènes de résistance.
- Rouille rayée : il ya 16 gènes de résistance.
- Rouille des feuilles : il ya 16 gènes de résistance.
- Fusariose de l'épi : il ya un seul gène de résistance.

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.

All TA lines except TA1704 carry an Lr21 allele. The 885-bp band (yellow asterisk) is diagnostic for Lr21. TA1704 is susceptible to leaf rust and has a 1.0 kb fragment.

Figure 22: Conditions de PCR

En plus de la base de données, nous avons également recherché des gènes de résistance à d'autres maladies et les avons extraits d'articles scientifiques documentés, car introuvables à Maswheat, tels que l de l'Oïdium, la septoriose, Fusariose de l'épi.

2.2.2 Recherche des séquences des gènes

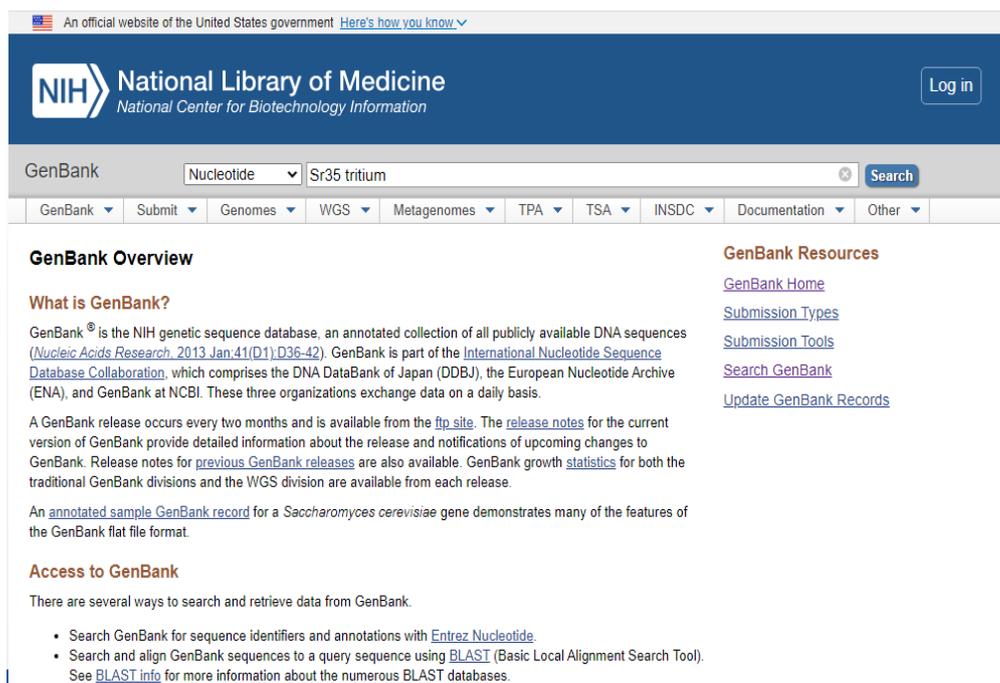
- GENBANK : est une base de données de séquences génétiques. Il s'agit d'une ressource majeure utilisée par les chercheurs en biologie moléculaire pour stocker et partager des informations sur les séquences d'ADN et d'ARN. GENBANK est géré par le National Center for Biotechnology Information (NCBI).

GENBANK contient une vaste collection de séquences nucléotidiques provenant de diverses sources, notamment des génomes complets, des séquences d'ARN messenger (ARNm) et des séquences de gènes individuels. Ces séquences sont accompagnées d'annotations décrivant la fonction présumée des gènes, leur localisation génomique et d'autres informations pertinentes.

Nous avons accès à GENBANK pour rechercher des séquences génétiques à travers eux des noms, et également réussi à obtenir la taille de séquence, le CDS, et le id gene.

On a téléchargé les informations de deux format : format GENBANK, et format FASTA.

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



The screenshot shows the GenBank website interface. At the top, there is a navigation bar with the NIH logo and the text "National Library of Medicine National Center for Biotechnology Information". Below this is a search bar with a dropdown menu set to "Nucleotide" and the search term "Sr35 tritium". A "Search" button is located to the right of the search bar. Below the search bar is a navigation menu with various options: GenBank, Submit, Genomes, WGS, Metagenomes, TPA, TSA, INSDC, Documentation, and Other. The main content area is divided into two columns. The left column is titled "GenBank Overview" and contains sections for "What is GenBank?", "Access to GenBank", and a list of search methods. The right column is titled "GenBank Resources" and contains links for "GenBank Home", "Submission Types", "Submission Tools", "Search GenBank", and "Update GenBank Records".

Figure 23: Interface GENBANK

2.2.3 Recherche des données des gènes

- GrainGenes : la base de données génomique pour les cultures à petites céréales. GrainGenes est un référentiel populaire d'informations sur les cartes génétiques et les amorces, les gènes, les allèles pour les cultures suivantes : blé, orge, seigle et avoine.

A l'aide de cette base de données nous avons trouvé la classe et le locus de chaque gène.

<https://graingenes.org/GG3/>

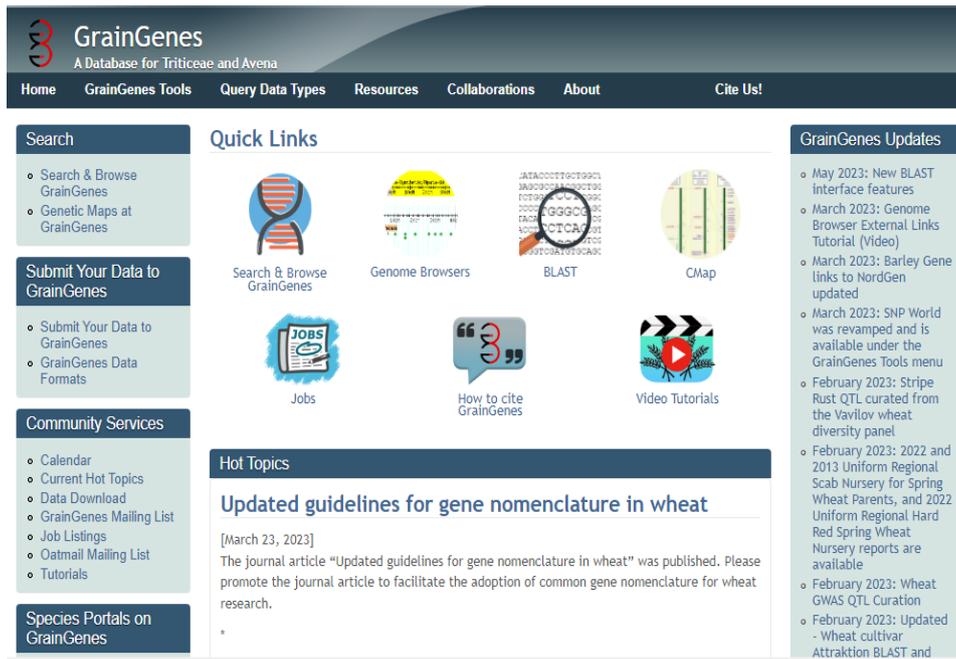


Figure 24: Interface GrainGenes.

GrainGenes Gene Report: Yr15 (Triticum)

[Submit comment/correction]

Gene	Yr15 (Triticum) [<i>Marker Report</i>]
Gene Class	Reaction to Puccinia striiformis Westend.
Locus	Yr15
Reference	<ul style="list-style-type: none"> Qie YM et al. (2019) Development, validation, and re-selection of wheat lines with pyramided genes Yr64 and Yr15 linked on the short arm of chromosome 1B for resistance to stripe rust. <i>Plant Disease</i> 103:51-58. Ramirez-Gonzalez RH et al. (2015) RNA-Seq bulked segregant analysis enables the identification of high-resolution genetic markers for breeding in hexaploid wheat. <i>Plant Biotechnology Journal</i> 13:613-624. Dubcovsky J MAS Wheat. Bringing Genomics to the Wheat Fields. Disease resistance. Stripe Rust Resistance. Yr15 MAS Wheat. <i>Marker Assisted Selection in Wheat</i>.
URL	Gene record in the Catalog of Gene Symbols for Wheat (Komugi) 2019 WGC Supplement Protocol for Yr15 at MASwheat
QTL	QTL2084_1B-Yaniv_et_al_2015 Yr15
Chromosome	1B McIntosh RA WGS-95-1333-Ref#660.
Chromosome Arm	1BS McIntosh RA WGS-95-1333-Ref#660.
Germplasm	Cultivar Ochre Ramirez-Gonzalez RH et al. (2015) RNA-Seq bulked segregant analysis enables the identification of high-resolution genetic markers for breeding in hexaploid wheat. <i>Plant Biotechnology Journal</i> 13:613-624.
	[Show all 10]
Comment	Hexaploid stocks: derivatives of T. dicoccoides G-25 (300, 320). Yr64 is distal to Yr15; recombinant lines are reported in Qie et al. (2019)

Figure 25: Localisation de gène Yr15

Primer3 : Primer3 est un programme largement utilisé en biologie moléculaire pour la conception d'amorces open source et librement disponible. Les amorces sont de courts fragments d'ADN qui sont synthétisés en laboratoire et utilisés spécifiquement pour amplifier une séquence d'ADN cible lors de la réaction en chaîne par polymérase (PCR) ou d'autres techniques d'amplification génique.

Primer3 fournit une interface facile à utiliser qui permet aux chercheurs de spécifier divers paramètres pour la conception des amorces, tels que la longueur requise des amorces, la température de fusion optimale (Tm), les contraintes de couplage primaire, les structures secondaires potentielles et les régions d'homologie non spécifique. Le logiciel utilise ces informations pour suggérer les meilleures amorces qui favorisent une amplification spécifique et efficace de la séquence cible.

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 FJ876280.1 Triticum aestivum Lr21 gene, complete cds

Template masking not selected
No mispriming library specified
Using 1-based sequence positions
OLIGO      start  len  tm  gc%  any_th  3'_th  hairpin  seq
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

PRODUCT SIZE: 324  DATA ANY TH COMPL: 0.00  DATA 3' TH COMPL: 0.00
```

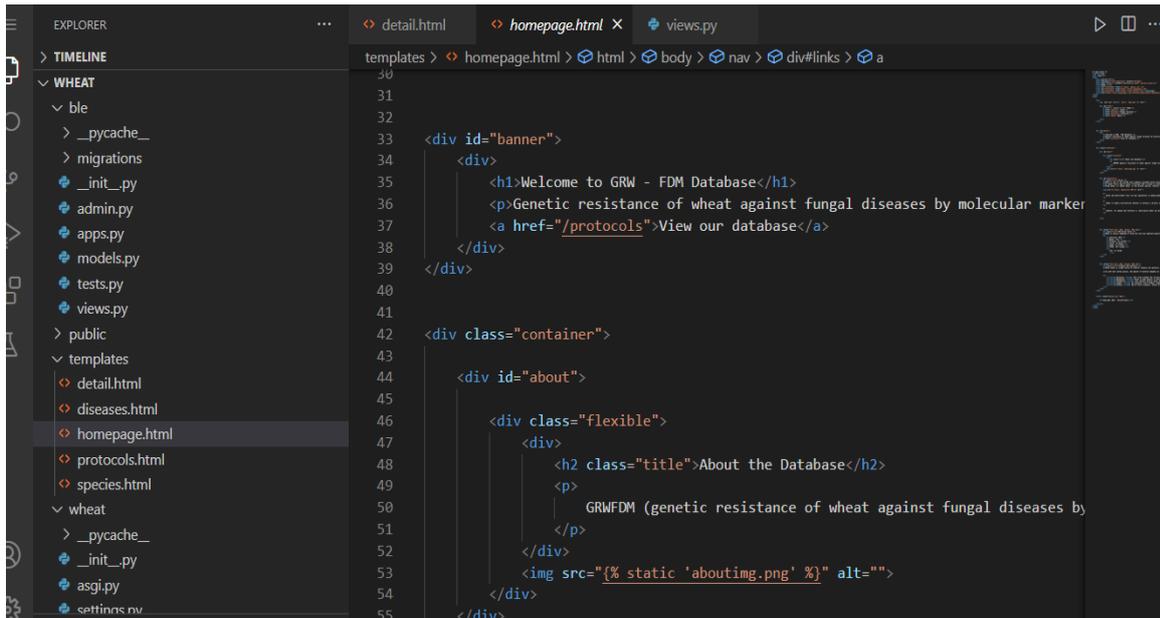
Figure 266: Interface de création de base de données.

2.3 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 depuis n'importe quel appareil mobile, n'importe où et n'importe quand avec une simple connexion Internet.

Dans cette étape, nous avons créé quatre pages, chaque page stylisée avec HTML, CSS.

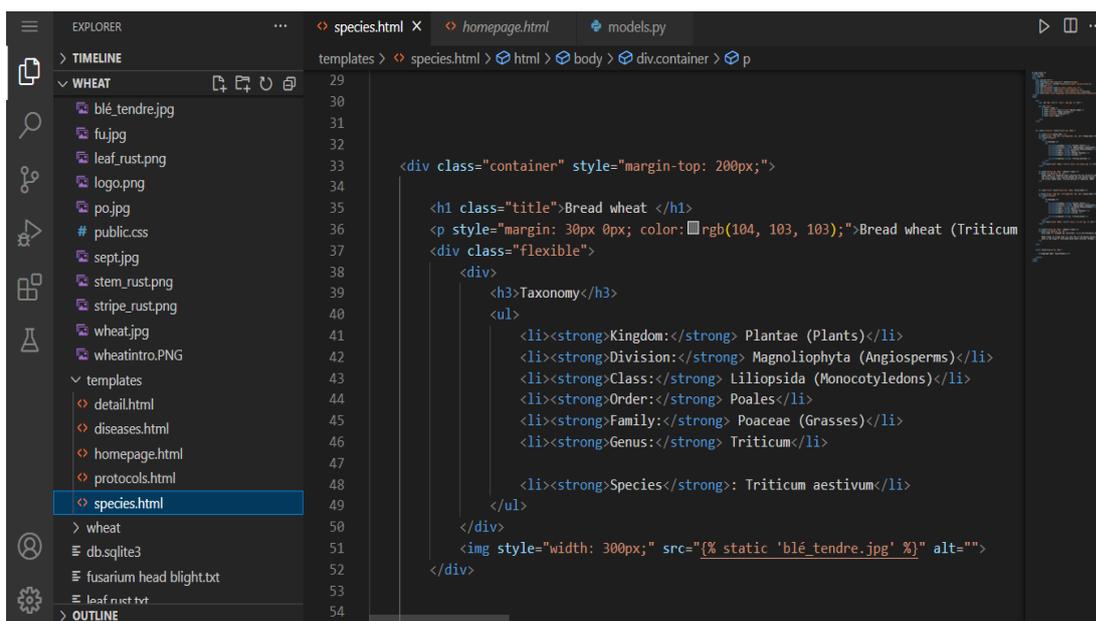
Première page : Home



```
30
31
32
33 <div id="banner">
34   <div>
35     <h1>Welcome to GRW - FDM Database</h1>
36     <p>Genetic resistance of wheat against fungal diseases by molecular marker
37     <a href="/protocols">View our database</a>
38   </div>
39 </div>
40
41
42 <div class="container">
43
44   <div id="about">
45
46     <div class="flexible">
47       <div>
48         <h2 class="title">About the Database</h2>
49         <p>
50           GRW FDM (genetic resistance of wheat against fungal diseases by
51         </p>
52       </div>
53       
54     </div>
55   </div>
```

Figure 277: Capture d'écran du code source de la page Home.

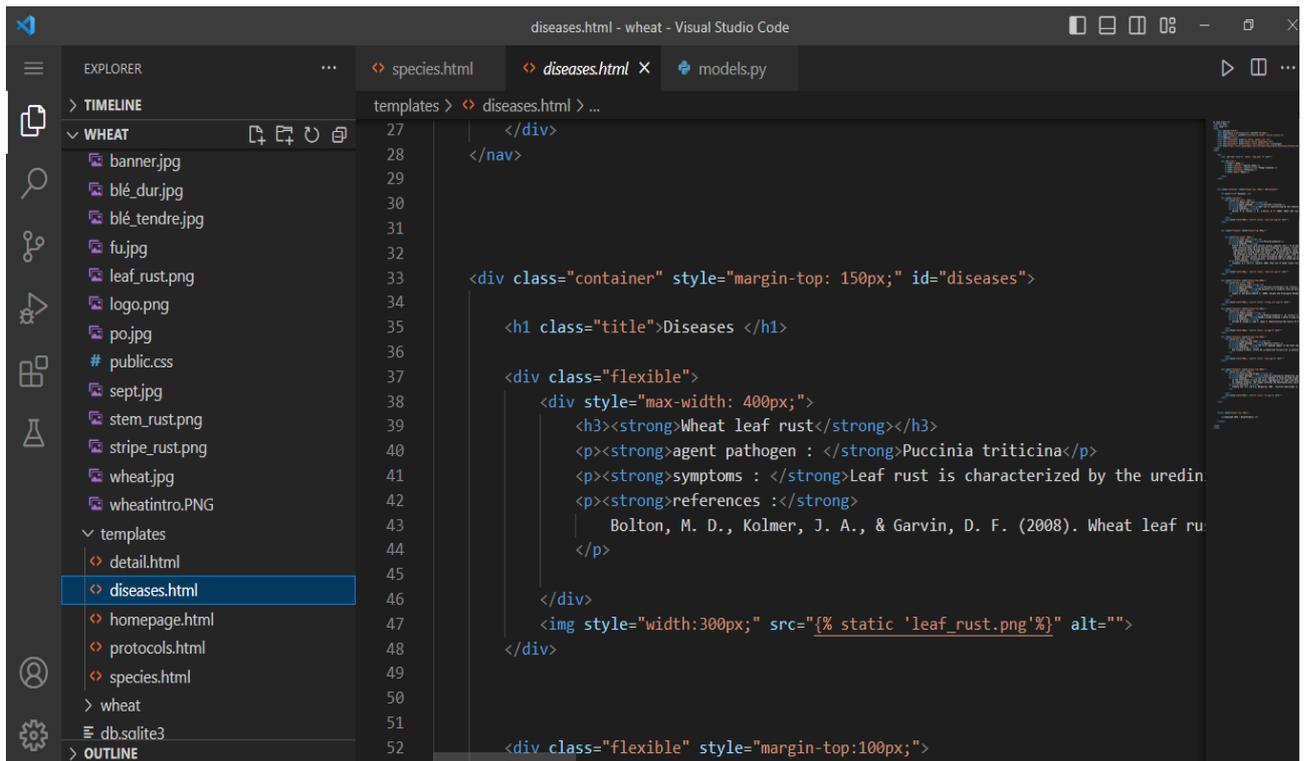
Deuxième page : Wheat.



```
29
30
31
32 <div class="container" style="margin-top: 200px;">
33   <h1 class="title">Bread wheat </h1>
34   <p style="margin: 30px 0px; color: rgb(104, 103, 103);">Bread wheat (Triticum
35   <div class="flexible">
36     <div>
37       <h3>Taxonomy</h3>
38       <ul>
39         <li><strong>Kingdom:</strong> Plantae (Plants)</li>
40         <li><strong>Division:</strong> Magnoliophyta (Angiosperms)</li>
41         <li><strong>Class:</strong> Liliopsida (Monocotyledons)</li>
42         <li><strong>Order:</strong> Poales</li>
43         <li><strong>Family:</strong> Poaceae (Grasses)</li>
44         <li><strong>Genus:</strong> Triticum</li>
45
46         <li><strong>Species</strong>: Triticum aestivum</li>
47       </ul>
48     </div>
49     
50   </div>
51 </div>
52
53
54
```

Figure 28: Capture d'écran du code source de la page wheat.

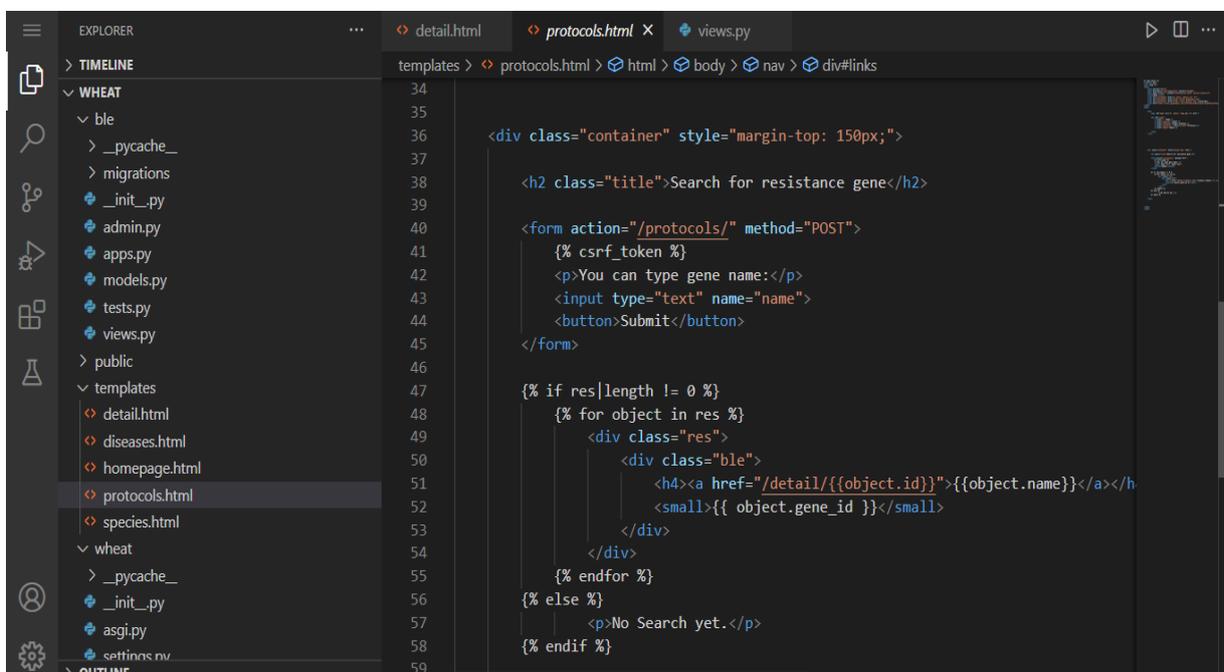
Troisième page : fungal diseases



```
27 </div>
28 </nav>
29
30
31
32
33 <div class="container" style="margin-top: 150px;" id="diseases">
34
35 <h1 class="title">Diseases </h1>
36
37 <div class="flexible">
38 <div style="max-width: 400px;">
39 <h3><strong>Wheat leaf rust</strong></h3>
40 <p><strong>agent pathogen : </strong>Puccinia triticina</p>
41 <p><strong>symptoms : </strong>Leaf rust is characterized by the uredin
42 <p><strong>references :</strong>
43 | Bolton, M. D., Kolmer, J. A., & Garvin, D. F. (2008). Wheat leaf ru
44 </p>
45 </div>
46 
47 </div>
48
49 <div class="flexible" style="margin-top:100px;">
```

Figure 29: Capture d'écran du code source de la page fungal diseases.

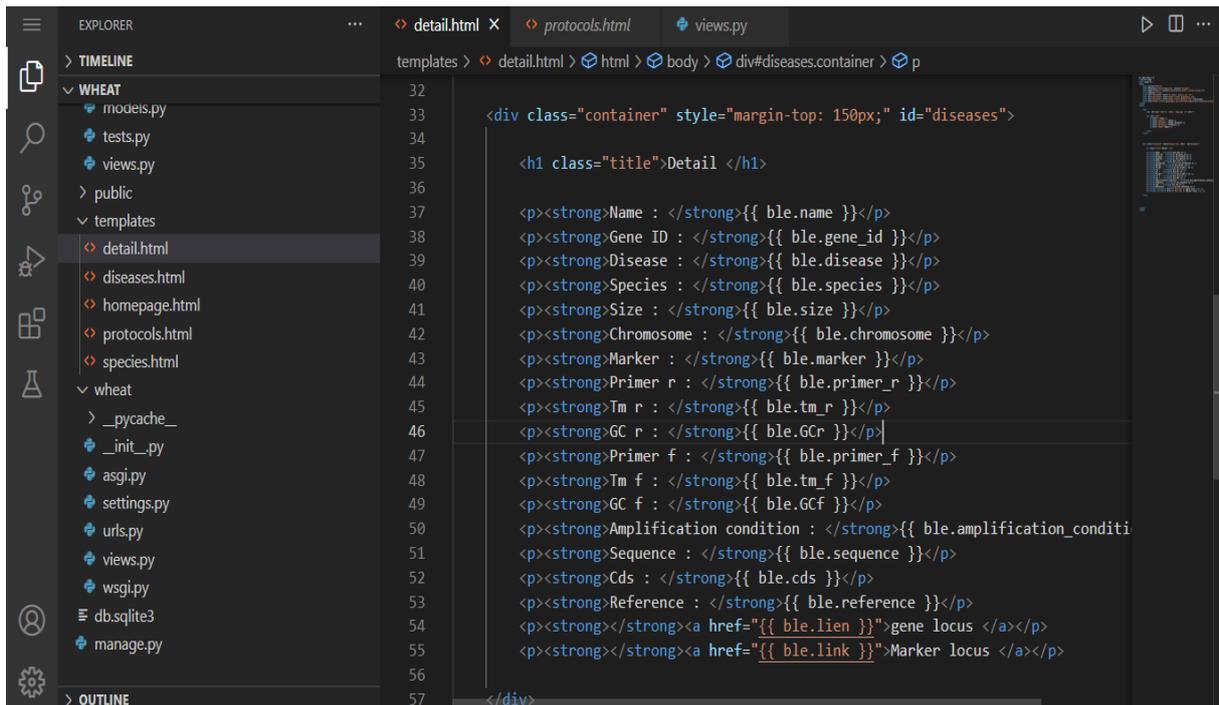
Quatrième page : Protocols



```
34 <div class="container" style="margin-top: 150px;">
35
36 <h2 class="title">Search for resistance gene</h2>
37
38 <form action="/protocols/" method="POST">
39 | {% csrf_token %}
40 <p>You can type gene name:</p>
41 <input type="text" name="name">
42 <button>Submit</button>
43 </form>
44
45 {% if res|length != 0 %}
46 | {% for object in res %}
47 | <div class="res">
48 | | <div class="ble">
49 | | | <h4><a href="/detail/{{object.id}}">{{object.name}}</a></h4>
50 | | | <small>{{ object.gene_id }}</small>
51 | | </div>
52 | | </div>
53 | | {% endfor %}
54 | {% else %}
55 | <p>No Search yet.</p>
56 | {% endif %}
57
58
59
```

Figure 30: Capture d'écran du code source de la page Protocols.

Cinquième page : Detail



```
32
33
34
35
36
37
38
39
40
41
42
43
44
45
46
47
48
49
50
51
52
53
54
55
56
57
<div class="container" style="margin-top: 150px;" id="diseases">
  <h1 class="title">Detail </h1>
  <p><strong>Name : </strong>{{ ble.name }}</p>
  <p><strong>Gene ID : </strong>{{ ble.gene_id }}</p>
  <p><strong>Disease : </strong>{{ ble.disease }}</p>
  <p><strong>Species : </strong>{{ ble.species }}</p>
  <p><strong>Size : </strong>{{ ble.size }}</p>
  <p><strong>Chromosome : </strong>{{ ble.chromosome }}</p>
  <p><strong>Marker : </strong>{{ ble.marker }}</p>
  <p><strong>Primer r : </strong>{{ ble.primer_r }}</p>
  <p><strong>Tm r : </strong>{{ ble.tm_r }}</p>
  <p><strong>GC r : </strong>{{ ble.gCr }}</p>
  <p><strong>Primer f : </strong>{{ ble.primer_f }}</p>
  <p><strong>Tm f : </strong>{{ ble.tm_f }}</p>
  <p><strong>GC f : </strong>{{ ble.gCf }}</p>
  <p><strong>Amplification condition : </strong>{{ ble.amplification_conditi
  <p><strong>Sequence : </strong>{{ ble.sequence }}</p>
  <p><strong>Cds : </strong>{{ ble.cds }}</p>
  <p><strong>Reference : </strong>{{ ble.reference }}</p>
  <p><strong></strong><a href="{{ ble.lien }}">gene locus </a></p>
  <p><strong></strong><a href="{{ ble.lien }}">Marker locus </a></p>
</div>
```

Figure 31: Capture d'écran du code source de la page detail.

Pour exécuter l'application on lance la commande `python manage.py runserver` dans le terminal de VSCODE

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

2.4 Création de la base de données

La création d'une base de données sur l'interface d'administration permet de gérer et stocker efficacement les données d'un site web. L'interface d'administration fournit un moyen convivial et sécurisé pour ajouter, modifier et supprimer des données dans la base de données sans nécessiter de connaissances techniques approfondies.

Dans cette étape, nous avons créé un modèle de base de données. Ce modèle permet de représenter des données liées aux gènes de blé, avec différents champs pour stocker des informations .

Geneid,name,sequence,size,CDS,chromosome,marker,primerR,gcR ;tmR,primerF,gcF,tmF, condion d'amplification, Disease,spieces ,reference ,2 lien vers graingene pour gene locus et marker locus

- Le model de notre base de données

```

ble > models.py
4
5
6 class Ble(models.Model):
7     id = models.AutoField(primary_key=True)
8     gene_id = models.TextField(max_length=200)
9     name = models.TextField(max_length=200)
10    sequence = models.TextField(max_length=300000)
11    size = models.TextField(max_length=10)
12    cds = models.TextField(max_length=100000)
13    chromosome = models.TextField(max_length=10)
14    marker = models.TextField(max_length=50)
15    primer_r = models.TextField(max_length = 50)
16    tm_r = models.FloatField()
17    GCcr=models.FloatField()
18    primer_f = models.TextField(max_length = 50)
19    tm_f = models.FloatField()
20    GCcf=models.FloatField()
21    amplification_condition = models.TextField(max_length = 2000)
22    species = models.TextField(max_length = 50)
23    disease = models.TextField(max_length = 50)
24    reference = models.TextField(max_length = 500)
25    lien = models.TextField(max_length=200, default="")
26    link = models.TextField(max_length=200, default="")
27
28
29

```

Figure 32: capture d'écran sur le model de base de données.

The screenshot shows a web application interface for managing database entries. On the left, there is a sidebar with navigation options: 'AUTHENTICATION AND AUTHORIZATION', 'Groups + Add', 'Users + Add', 'BLE', and 'Bles + Add'. The main content area is titled 'Change ble' and shows a form for a specific entry 'lr1 EF439840.1'. The form includes the following fields:

- Gene id:** EF439840.1
- Name:** lr1
- Sequence:** A long DNA sequence starting with 'GCCACACGCCCAAGCGTATGGCATCTCCATATGTTTATCGGATGTTGTTATCTACAAAACCTTC' and ending with 'TGCATTACCGGCTGGGTCCCAATAATTGTATCCATAGGTTGGTCAAACAGCTCAAACCATACCAACCA'.

A 'HISTORY' button is located in the top right corner of the form area.

Figure 33 : Interface de création de base de données.

Chapitre III :
Résultats et
discussion

Les bases de données en bioinformatique stockent et fournissent un accès organisé aux données biologiques telles que les séquences génétiques, les structures de protéines et les variations génétiques. Elles sont essentielles pour la recherche, l'analyse et l'interprétation des données biologiques, facilitant ainsi la découverte de nouvelles connaissances dans le domaine de la biologie.

La collecte d'informations relatives aux différentes maladies fongiques chez le blé à partir de différentes ressources nous a permis de créer la base de données GRWFDM.

La base de données GRWFDM est accessible sur internet via le lien:

<https://wheat-grwfdm.onrender.com/>

Elle offre aux chercheurs travaillant sur la génétique de la résistance du blé aux maladies fongiques plusieurs fonctionnalités facilitant ainsi l'utilisation des informations contenues.

La première page est l'accueil de notre application web.

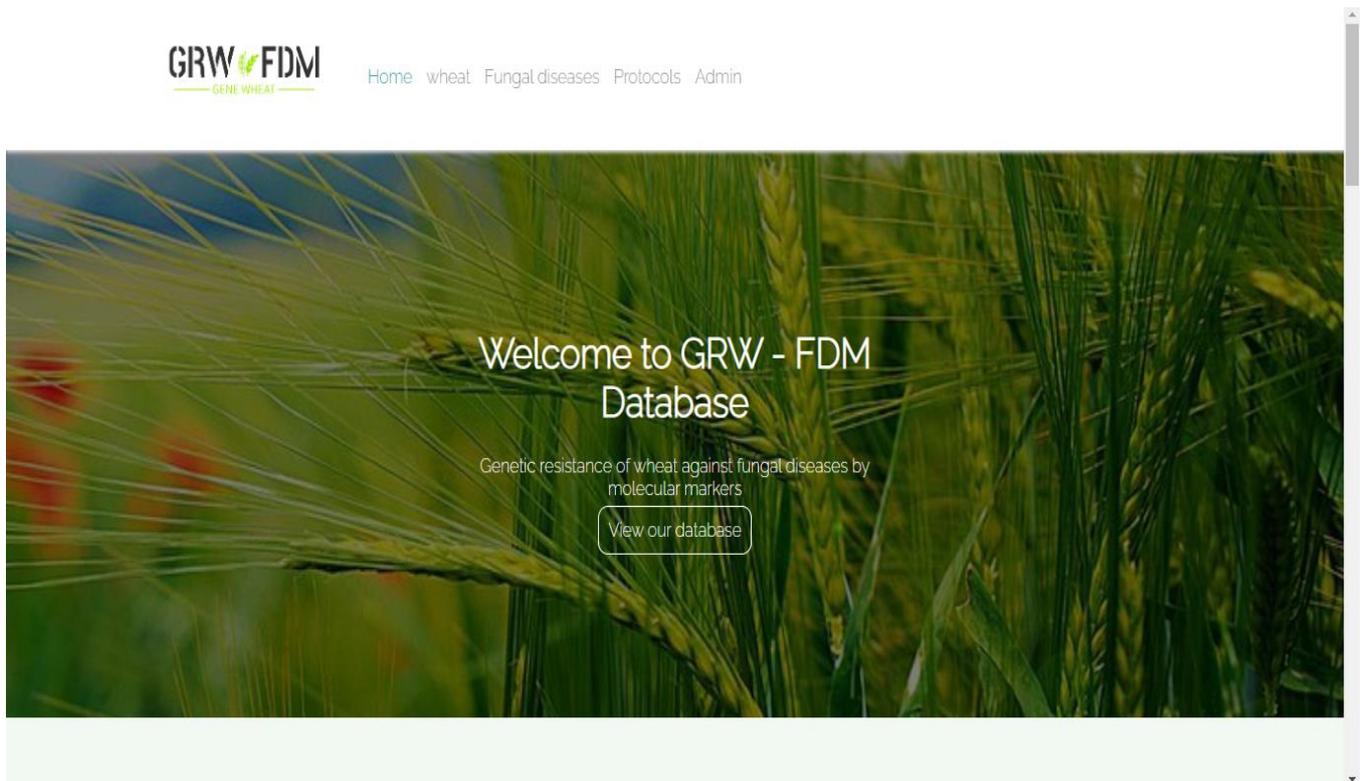
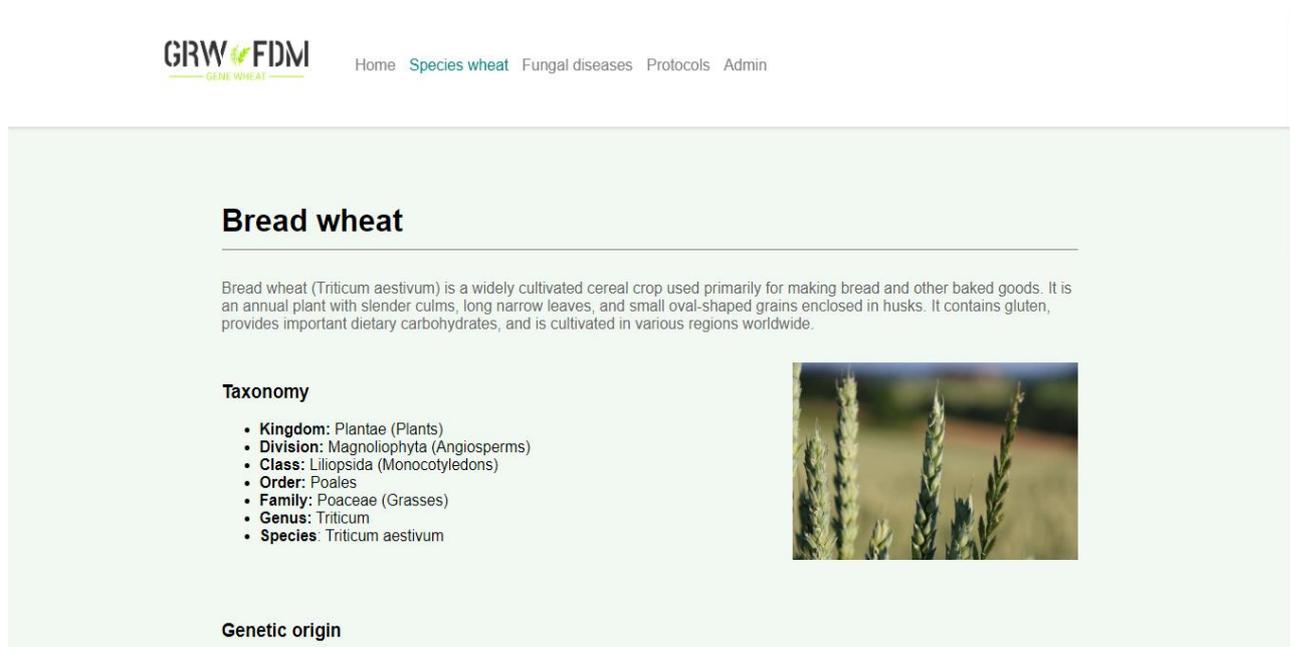


Figure 34: Interface application web GRWFDM.

La deuxième page présente la taxonomie et l'origine génétique du blé tendre et dur.



The screenshot shows the 'Bread wheat' page on the GRW FIDM website. The page features a navigation bar with links for Home, Species wheat, Fungal diseases, Protocols, and Admin. The main content area includes a title 'Bread wheat', a descriptive paragraph, a taxonomy list, a photograph of wheat spikes, and a section for genetic origin.

GRW FIDM
GENE WHEAT

Home Species wheat Fungal diseases Protocols Admin

Bread wheat

Bread wheat (*Triticum aestivum*) is a widely cultivated cereal crop used primarily for making bread and other baked goods. It is an annual plant with slender culms, long narrow leaves, and small oval-shaped grains enclosed in husks. It contains gluten, provides important dietary carbohydrates, and is cultivated in various regions worldwide.

Taxonomy

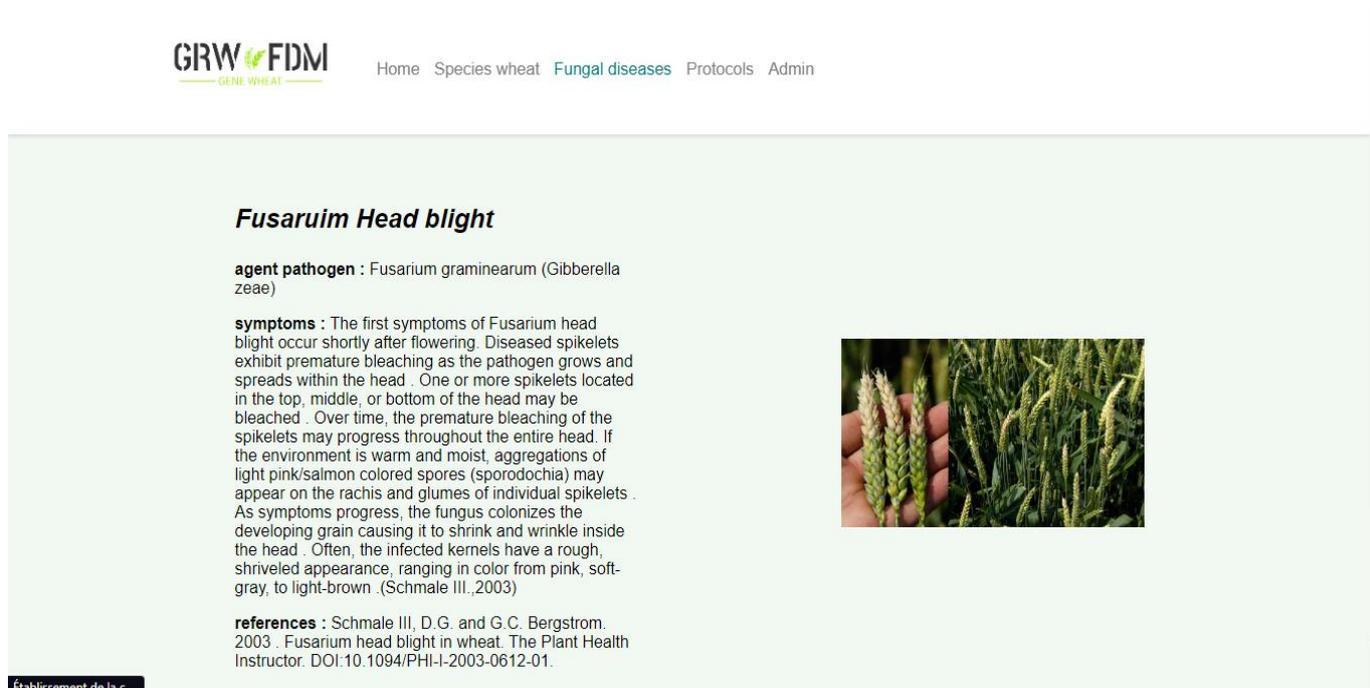
- **Kingdom:** Plantae (Plants)
- **Division:** Magnoliophyta (Angiosperms)
- **Class:** Liliopsida (Monocotyledons)
- **Order:** Poales
- **Family:** Poaceae (Grasses)
- **Genus:** *Triticum*
- **Species:** *Triticum aestivum*



Genetic origin

Figure 35: Interface des deux espèces de blé.

La troisième page présente les maladies fongiques du blé : les trois types de rouille, fusariose de l'épi, septoriose et oïdium.



The screenshot shows the 'Fusarium Head blight' page on the GRW FIDM website. The page features a navigation bar with links for Home, Species wheat, Fungal diseases, Protocols, and Admin. The main content area includes a title 'Fusarium Head blight', a description of the agent pathogen, symptoms, and references, and a photograph of wheat spikes showing the disease.

GRW FIDM
GENE WHEAT

Home Species wheat Fungal diseases Protocols Admin

Fusarium Head blight

agent pathogen : *Fusarium graminearum* (*Gibberella zeae*)

symptoms : The first symptoms of *Fusarium* head blight occur shortly after flowering. Diseased spikelets exhibit premature bleaching as the pathogen grows and spreads within the head. One or more spikelets located in the top, middle, or bottom of the head may be bleached. Over time, the premature bleaching of the spikelets may progress throughout the entire head. If the environment is warm and moist, aggregations of light pink/salmon colored spores (sporodochia) may appear on the rachis and glumes of individual spikelets. As symptoms progress, the fungus colonizes the developing grain causing it to shrink and wrinkle inside the head. Often, the infected kernels have a rough, shriveled appearance, ranging in color from pink, soft-gray, to light-brown. (Schmale III.,2003)

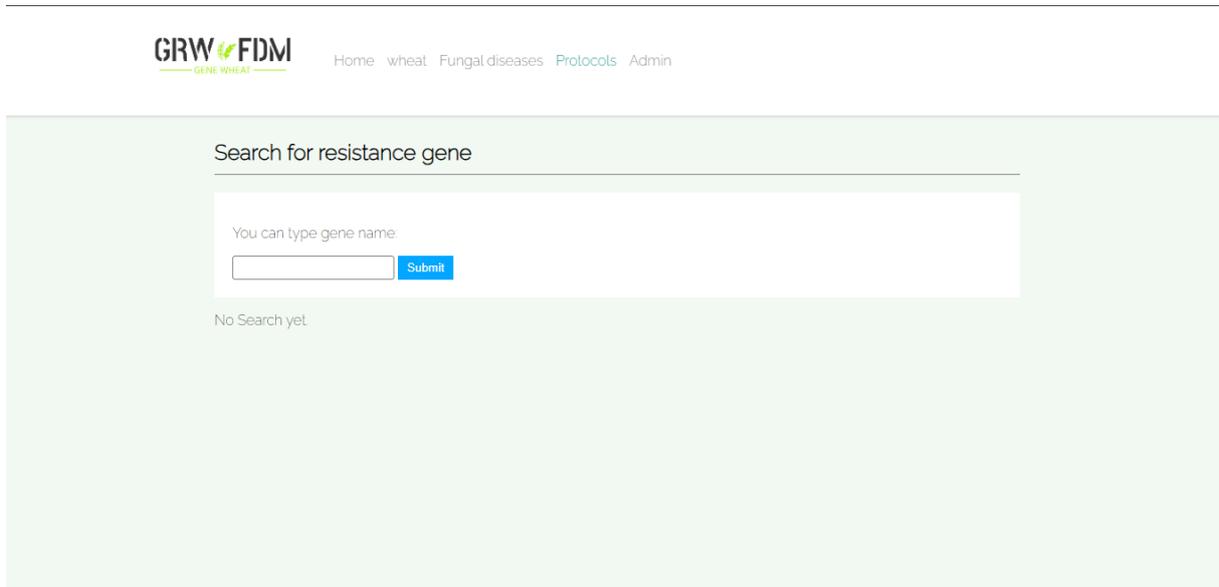


references : Schmale III, D.G. and G.C. Bergstrom. 2003. *Fusarium* head blight in wheat. The Plant Health Instructor. DOI:10.1094/PHI-I-2003-0612-01.

Établissement de la c...

Figure 36: Interface des maladies fongiques.

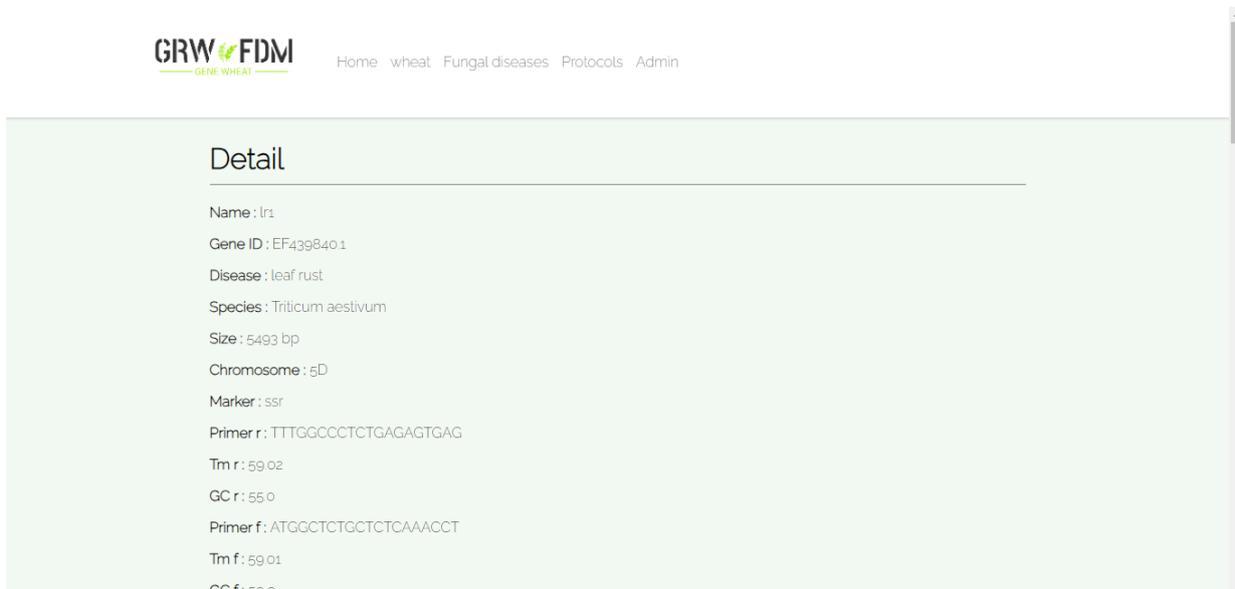
La quatrième page comporte une barre de recherche pour saisir le nom du gène, puis appuyer sur 'Submit' pour afficher le nom et gene id cible.



The screenshot shows the top navigation bar with the logo 'GRW FDM' and the text 'GENE WHEAT'. The navigation menu includes 'Home', 'wheat', 'Fungal diseases', 'Protocols', and 'Admin'. Below the navigation bar is a search section titled 'Search for resistance gene'. It features a text input field with the placeholder text 'You can type gene name' and a blue 'Submit' button. Below the input field, it says 'No Search yet'.

Figure 37: Interface du protocoles.

La recherche par nom du gène sur cette affiche toutes les informations relatives au gène recherché: Nom, Gene id, Disease, Species, Size, Chromosome, Marker, Primer r, Tm r, GC r, Primer f, Tm f, GC f, Amplification condition, Sequence, CDS, Reference et Un lien vers la base de données GrainGenes.



The screenshot shows the 'Detail' page for a gene. The top navigation bar is the same as in Figure 37. The page title is 'Detail'. The gene information is listed as follows:

- Name : Ir1
- Gene ID : EF439840.1
- Disease : leaf rust
- Species : Triticum aestivum
- Size : 5493 bp
- Chromosome : 5D
- Marker : SSR
- Primer r : TTTGGCCCTCTGAGAGTGAG
- Tm r : 59.02
- GC r : 55.0
- Primer f : ATGGCTCTGCTCTCAAACCT
- Tm f : 59.01
- GC f : 50.0

Figure 38: Interface de page detail

Notre application web contient 3 pages (home, wheat, fungal disease) statiques et 2 pages dynamiques (protocols et detail).

- Statique

Lorsque l'utilisateur envoie une requête (par exemple : affichez la page protocols), l'application analyse les besoins de l'utilisateur en se basant sur l'URL. Les vues (ou "views" en anglais) prennent en charge cette requête et, par la fonction protocols,

```
def protocols(request):  
    return render(request, "protocols.html")
```

envoient les données vers le template protocols.html pour construire la réponse. Ensuite, elles renvoient cette réponse à l'utilisateur par la méthode GET pour afficher l'interface.

- Dynamique

Lorsque l'utilisateur saisit le nom d'un gène, la fonction Protocols dans les vues du projet effectue une boucle en utilisant la méthode POST. Cette boucle parcourt tous les objets du projet. Si le nom saisi par l'utilisateur est trouvé dans le nom d'un des objets, la vue renvoie la réponse dans le template protocols.html. Cette réponse contient le contexte correspondant au nom et à l'ID du gène.

Lorsque l'utilisateur clique sur le nom d'un gène dans l'interface Protocols, la vue associée renvoie le rendu du template detail.html. Ce template affiche toutes les informations détaillées du gène correspondant à son identifiant (ID). Ainsi, l'utilisateur peut visualiser tous les détails importants du gène dans l'interface de l'application.

Les informations détaillées du gène sont récupérées à partir de la base de données de l'interface d'administration. Dans cette base de données, toutes les informations relatives aux gènes sont stockées de manière structurée. Lorsque l'utilisateur clique sur un nom de gène, la vue exécute une requête pour récupérer toutes les informations associées à cet identifiant de gène à partir de la base de données de l'interface d'administration.

Outil informatique très utile dans le domaine de la biologie, il est essentiel pour la gestion, l'analyse et la visualisation des bases de données biologiques. Il permet aux chercheurs d'organiser et de récupérer efficacement les données, de les analyser en utilisant des requêtes avancées, d'intégrer des informations provenant de différentes sources et de représenter graphiquement les résultats.

La création d'une base de données contenant les différentes maladies fongiques et leurs gènes de résistance, où chaque gène contient des informations telles que l'ID du gène, le CDS, le marqueur moléculaire et les amorces, permettrait un accès facile aux informations, faciliterait la mise à jour des données, favoriserait la collaboration entre chercheurs, faciliterait les analyses avancées des données et contribuerait à une surveillance plus efficace des maladies fongiques. Cette base de données serait une ressource précieuse pour approfondir les connaissances et développer de nouvelles stratégies de lutte contre ces maladies.

Conclusion

La sélection de variétés de blé résistantes aux maladies est un enjeu majeur pour assurer des rendements agricoles durables. Les marqueurs moléculaires liés à la résistance aux maladies fongiques chez le blé jouent un rôle crucial dans la recherche et le développement de variétés de blé résistantes aux maladies. Ces marqueurs permettent d'identifier les gènes ou les régions du génome associés à la résistance, ce qui facilite la sélection et le croisement de plantes résistantes.

GRWFDM database permettrait aux sélectionneurs de blé d'accéder rapidement à des informations précieuses sur les gènes de résistance disponibles. Ils pourraient ainsi identifier les gènes les plus prometteurs pour introduire des caractères de résistance dans de nouvelles variétés de blé par croisements sélectifs. Cela accélérerait le processus de sélection, réduirait les coûts associés aux essais sur le terrain et augmenterait les chances de succès dans la création de variétés résistantes.

En termes de perspectives, la création d'une base de données des gènes de résistance ouvrirait la voie à de nouvelles approches de sélection variétale plus ciblées et plus efficaces. Les avancées en matière de génomique permettent aujourd'hui d'identifier et de caractériser rapidement un grand nombre de gènes de résistance. Cette base de données pourrait donc être régulièrement mise à jour avec de nouvelles découvertes et de nouveaux marqueurs moléculaires, offrant ainsi de nouvelles possibilités pour l'amélioration du blé résistant aux maladies.

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. **Ait-Slimane-Ait-Kaki S(2008)** : Contribution à l'étude de l'interaction génotype x milieu, pour la qualité technologiques chez le blé dur en Algérie.
3. **Anonyme(1)**_____ <https://fr.statista.com/statistiques/570403/ble-volume-de-production-dans-le-monde/>
4. **Anonyme (2)** <http://www.manche.chambagri.fr>
5. **Anonyme (3)** migrew.sysbio.cytogen.ru
6. **Anonyme (4)** [https://www.syngenta.fr/traitements/septoriose-septorianodorums.](https://www.syngenta.fr/traitements/septoriose-septorianodorums)
7. **Anonyme, (2009)** : Guide des maladies des céréales. Chambre de l'agriculture, pays de la Loire : 25 p.
8. **Aouali S. et Douici-Khalfi A., 2009.** Recueil des principales maladies fongiques des céréales en Algérie : symptômes, développement et moyens de lutte ; ITGC, EL Harrach, Alger. 56p.
9. **Aoun, M., Breiland, M., Kage, U., Strenth, J.H., Nilsen, K.T., Rognli, O.A., Djurle, A., Jalli, M., Singh, P.K., et al. (2020).** Association mapping of quantitative resistance to Fusarium head blight in Nordic winter wheat (*Triticum aestivum L.*). BMC Genomics 21, 198.
10. **Belaid Dj., 1996.** Aspects de la céréaliculture Algérienne. Offices de publications Universitaires. 203 pages.
- 7 **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
- 8 **Bencharif A, et Rastoin J.L, (2007).** Concepts et méthodes d'analyse de filières agroalimentaires : application par la chaîne globale de valeur au cas des blés en Algérie. UMR Moisa, Montpellier : 23 p. (Working Paper ; n° 7/ (2007)).
- 9 **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.

- 10 **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.
- 11 **Beroud C. (2010-2011).** Bases de données et outils bio-informatiques utiles en génétique. Collège National des Enseignants et Praticiens de Génétique Médicale, Univ. Médicale Virtuelle Francophone.pp.3-6.
- 12 **Bonjean A., 2001:** Histoire de la culture des céréales et en particulier de celle du blé tendre (*triticum aestivum L.*). Eds.le perchec S., Guy P. et Fraval A. Agriculture et biodiversité des plantes. Dossier de l'environnement de l'INRA, n°21, P 29-37.
- 13 **Boulif., (2012) .**Gestion Integree Des Maladies Du Ble, Ecole Nationale D'agriculture De Meknes B.P. S/40 – Meknes. P12.
- 14 **Daniel Prat, Patricia Faivre Rampant, Emilce Prado. (2006).** Analyse du génome et gestion des ressources génétiques forestières pp.73-81, éd.Quae, 456p
- 15 **De Vienne D (1998)** Les marqueurs moléculaires en génétique et biotechnologies végétales. Ed. INRA, p195
- 16 **Doumandji-Mitiche, B. & Salaheddine, D.(2003).** Contribution A L'etude De L'activite Antifongique Et Antimycotoxigene Des Extraits Methanolique Et Aqueux Des Graines De Citrullus Colocynthis Sur La Croissance De Quelque Moisissure D'alteration De Ble Tendre Stocke. These Magister. Universite Kasdi Merbah-Ouargla. p3.
- 17 **Djekoun A., Ykhlef N., Bouzerzour H., Hafsi M., Hamada Y., Kahali L., 2002.**Production du blé en zones semi-arides : identification des paramètres d'amélioration du rendement. Act des 3ème Journées Scientifiques sur le blé dur.Constantine.
- 18 **Djermoun A, (2009).** La Production Céréalière En Algérie : Les Principales Caractéristiques Revue Nature et Technologie Volume 1, Numéro 2, Pages 45-53.
- 19 **El hadj Hammiche F., 2013.** Problématique. 1er Workshop international sur La Fusariose des céréales en Algérie. INPV Institut National de la Protection des végétaux SYNGENTA.
- 20 **Ezzahiri B., 2001.** Les maladies du blé Identification, facteurs de développement et méthodes de lutte. Transfert de technologie en Agriculture. Bulletin mensuel d'information et de liaison du PNTTA 77, 4p.
- 21 **Feillet P., 2000.**Le grain de blé : composition et utilisation. INRA.18 pages.

- 22 **Feuillet C, Langridge P, Waugh R (2008)** Cereal breeding takes a walk on the wild side. *Trends Genet* 24: 24-32.
- 23 **f.Samoulian., V.gaudin., M. boccara., 2009.**génétique moléculaire des plantes.QUAE.40p.
- 24 **Goutam U, Kukreja S, Yadav R, Salaria N, Thakur K, Goyal AK.** Recent trends and perspectives of molecular markers against fungal diseases in wheat. *Front Microbiol.* 2015 Aug 25;6:861. doi: 10.3389/fmicb.2015.00861. PMID: 26379639; PMCID: PMC4548237.
- 25 **Gupta PK., Varshney RK., Sharma PC., Ramesh B. (1999).** Molecular markers and their applications in wheat breeding. *Plant Breed.* 118, p. 369–390.
- 26 **Gembloux Agro-Bio Tech. (2018).** L'oidium. Gembloux.Ulg.Ac.Begembloux.Be
- 27 **Hamel L., 2010:** Appréciation de la variabilité génétique des blés durs et des blés apparentés par les marqueurs biochimiques. Thèse de Magister en génomique et techniques avancées des végétaux. Université Constantine 1. 83 pages.
- 28 **Huang S, Sirikhachornkit A, Su X, Faris J, Gill B, Haselkorn R, Gornicki P (2002)** Genes encoding plastid acetyl-CoA carboxylase and 3- phosphoglycerate kinase of the *Triticum /Aegilops* complex and the evolutionary history of polyploidy wheat 99: 8133-8138.
- 29 **Khallef. A(2016)** : Conception et réalisation d'un système d'apprentissage en ligne avec personnalisation dynamique du parcours d'apprentissage Mémoire de fin d'étude Master en Informatique Université LARBI BEN M'HIDI page 5-10.
- 30 **Lamari L., Bernier CC. Et Smith RB., 1991.** Wheat genotypes that develop both tan necrosis and extensive chlorosis in response to isolates of *Pyrenophora tritici-repentis*. *Plant Diseases.* Vol 75. 121–122.
- 31 **Langridge, P., Lagudah, E. S., Holton, T. A., Appels, R., Sharp, P. J., & Chalmers, K. J. (2001).** Trends in genetic and genome analyses in wheat: a review. *Aust J.Agric.Res,* 52, p 1043–1077.
- 32 **Lauzon M, Dion Y, Rioux S. (2007)** .Fusariose De L'épi Chez Le Ble Et L'orge ; Cerom Saint-Bruno-De-Montarville, Bulletin Technique : Phytopathologie N° :2.1, P5.
- 33 **Morgante M., Olivieri AM. (1993).** PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics. *Plant J.* 3 (1), p. 175–182.
- 34 **Morsli L, (2010)** : Adaptation du blé dur (*triticum durum desf*) dans les conditions des hautes plaines Constantinoise doctorat université Constantine Algérie.

- 35 **Najimi B., S El Jaafari., Jlibène M., Jacquemin J-M., (2003)** : Applications des marqueurs moléculaires dans l'amélioration du blé tendre pour la résistance aux maladies et aux insectes, 24 MARS 2003 Université Moulay Ismaïl. Meknès (Maroc).''
- 36 **Nasraoui B. (2006.)**. Les Champignons Parasites Des Plantes Cultivees, Biologie, Systematique, Pathologie, Maladies. Chapitre 4 : Maladies. 363-427. Centre De Publication Universitaire, Tunis.
- 37 **Olivia P, Truc C, Lootens A, Verstrate G. (2005)**. Projet " sciences au quotidien " le chauffage aux céréales''. 20p.
- 38 **Rafalski JA. (2002a)**. Novel genetic mapping tools in plants : SNPs and LD-based approaches [Review]. Plant Sci. 162 (3), p. 329–333.
- 39 **Rafalski JA. (2002b)**. Applications of single nucleotide polymorphisms in crop genetics [Review]. Curr. Opin. Plant Biol. 5 (2), p. 94–100.
- 40 **Rapilly F, Lemaire J., Cassini R, Simon M, Vegh I, Ponchet J. 1971**. Les principales maladies cryptogamiques des céréales. Institut technique des Céréales et des Fourrages.
- 41 **Safer Tabi I, Rahmani Y. (2015)**. Efficacité De Quelques Fongicides Sur Les Maladies Fongiques Du Ble Dur Transmises Par Les Semences. . Memoire De Master. Université Mohamed Boudiaf De M'sila. P21.
- 42 **Sahri S, Tabbakh I. (2019)**. L'étude Des Champignons Phyto-Pathogènes Du Ble Tendre (*Triticum Aestivum*) De La Région De Bordj Bou Arreridj. Memoire De Master. Université Mohamed El Bachir El Ibrahimi B.B.A. برج بو عريديج .P18.
- 43 **Santoni S., Faivre-Rampant P., Prado E., Prat D. (2000)**. Marqueurs moléculaires pour l'analyse des ressources génétiques et l'amélioration des plantes. Cah. Agric. 9 (4), p. 3311–3327.
- 44 **Sayoud R., Ezzahiri B. et Bouznad Z., 1999**. Les maladies des céréales et des légumineuses alimentaires au Maghreb, Guide Pratique. Projet Maghrébin sur la Surveillance des Maladies et le Développement de Germoplasme Résistant des céréales et des Légumineuses Alimentaires. PNUD RAB/91/007 Maroc-Algérie - Tunisie. Trames Ed, Algérie. 64p. Syngenta. (2022). Helminthosporiose Du Ble.
- 45 **Soltner D. (2005)** les grandes productions végétales. 20^{ème} Édition. Collection science et techniques agricoles. 427p
- 46 **Somers D.J and Issac P (2004)** A high-density wheat microsatellite consensus map for bread wheat (*triticum aestvum L.*) .Theoretical and Applied Genetics 109 :1105-1114.

- 47 **Syngenta. (2022).** Pietin Echaudage. <https://www.syngenta.fr/traitements/pietin-echaudage>.
- 48 **Verreet J.A., et Klink H., 2002.** The biology of fungal pathogens: Fungal pathogens and diseases of cereals. Eds. APS Press, Minneapolis (USA). 5pages
- 49 **Wilcoxson RD, Ballantyne B, Hettel GP, McNab A, Saari EE. 1996.** Bunt and Smut diseases of wheat: concepts and methods of disease management. Lisboa, Mexico: CIMMYT.
- 50 **Williams JGK., Kubelik AR., Livak KJ., Rafalski J A., Tingey SV. (1990).** DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucl. Acids Res. 18 (22), p. 6531–6533.

Résumé

Résumé

Le blé est l'une des céréales les plus importantes en termes de consommation humaine dans de nombreux pays du monde. Cependant, il est soumis à des stress biotiques qui affectent cette culture ainsi que sa qualité, notamment les maladies fongiques affectant les feuilles, les tiges et les racines.

L'objectif de ce présent travail est de créer une base de données sous forme d'application web permettant aux chercheurs, sélectionneurs d'accéder facilement aux informations sur les gènes de résistance connus.

La base de données GRWFDM est un référentiel de plusieurs maladies fongiques du blé et un répertoire de données génomiques sur les gènes responsables de la résistance à ces maladies.

Mot clé : Blé, Maladie fongique, Marqueur moléculaire, Bionformatique.

Abstract

Wheat is one of the most important cereals in terms of human consumption in many countries all over the world. However, it is a subject to biotic stresses that affect this crop as well as its quality, including fungal diseases which affect leaves, stems and roots. The objective of the present work is to create a database in the form of a web application allowing researchers, breeders to easily access information on known resistance genes.

The GRWFDM database is a repository of several fungal diseases of wheat and also is a repository of genomic data of genes responsible for resistance to these diseases.

Key word :

Wheat, Fungal disease, Molecular markers, Bioinformatics.

الملخص

يعتبر القمح من أهم الحبوب من حيث الاستهلاك البشري في العديد من دول العالم. ومع ذلك، فإنه يخضع للضغوط الحيوية التي تؤثر على هذا المحصول وكذلك جودته، بما في ذلك الأمراض الفطرية التي تصيب الأوراق والسيقان والجذور. الهدف من هذا العمل الحالي هو إنشاء قاعدة بيانات في شكل تطبيق ويب يسمح للباحثين والمربين بالوصول بسهولة إلى المعلومات حول جينات المقاومة المعروفة. تعد قاعدة بيانات GRWFDM مكتبة للعديد من الأمراض الفطرية للقمح ومستودعا للبيانات الجينية حول الجينات المسؤولة عن مقاومة هذه الأمراض.

Année universitaire : 2022-2023

Présenté par : MEHENNI Ikhlas

TALBI Roufeida

**Création d'une base de données pour les Marqueurs moléculaires
liés à la résistance aux maladies fongiques chez le blé**

Mémoire pour l'obtention du diplôme de Master en Bioinformatique

Le blé est l'une des céréales les plus importantes en termes de consommation humaine dans de nombreux pays du monde. Cependant, il est soumis à des stress biotiques qui affectent cette culture ainsi que sa qualité, notamment les maladies fongiques affectant les feuilles, les tiges et les racines.

L'objectif de ce présent travail est de créer une base de données sous forme d'application web permettant aux chercheurs, sélectionneurs d'accéder facilement aux informations sur les gènes de résistance connus.

La base de données GRWFDM est un référentiel de plusieurs maladies fongiques du blé et un répertoire de données génomiques sur les gènes responsables de la résistance à ces maladies.

Mots-clefs : Blé, Maladie fongique, Marqueur moléculaire, Bioinformatique.

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

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

Examinatrice : Dr. HALMI S (M.C.A - Université Frères Mentouri, Constantine 1).

