

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 و الحياة  
قسم البيولوجيا التطبيقية

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

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

**Filière :** science biologique

**Spécialité :** Bioinformatique.

N° d'ordre :

N° de série :

Intitulé :

---

**Identification des gènes candidats impliqués dans la  
résistance Multiple aux maladies du blé  
par analyse d'expression *in silico*.**

---

Présenté par : Chari Safa  
Boudemagh Hanane

Le 19/06/2023

**Jury d'évaluation :**

**Encadreur :** Dc Kellou.K (M.A.A-Université Frères Mentouri Constantine)

**Examineur 1:** Dr.Temaghoul.M (M.A.A- Université Frères Mentouri Constantine1)

**Examineur 2:** Dr.chehili.H (M.A.A-Université Frères Mentouri Constantine1)

**Année universitaire  
2022-2023**

## Remerciements

Avant tout, nous remercions **ALLAH** : le tout Miséricodieux

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

Nous tenons à remercier également les membres de jury **Pr.hamidchi Abdelhafid**

et **Dr.Daas Mouhamed Skander** pour avoir accepté de examiner et d'évaluer notre travail de fin d'étude de master 2.

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

Merci à tous

## **Dédicace :**

Je dédie ce modeste travail d'études à :

Tous les membres de ma famille Chari et Hammes pour leurs encouragements continus,  
en particulier mon oncle, que Dieu ait pitié de lui Elchrif .

Mon père et ma mère mes tantes (warda)et (ghania) Les personnes la plus chère à mon  
cœur qui m'ont aide et encourage.

Mes amis, Abir Daalouche, Hadjer Benhedjaz et Chourouk Bouarour qui ont toujours  
été à mes côtés.

Ma binome Hanen Boudmeghe merci pour tous les souvenirs et les moments que nous  
avons passés ensemble.

SAFA

### Résumé:

Le blé est attaqué par plusieurs maladies au niveau des racines; tiges et feuilles, on a identifier des gènes candidats impliqués dans la résistance multiple aux ces maladies par l'analyse d'expression in silico, et mettre au point une base de données (Ggèneblé) à la disposition des chercheurs d'extraire plus facilement des informations sur les genes de résistance .

**Mots clés:** Blé, Maladies ,Genes de résistance, *Triticum astivum*, Analyse d'expression, Base de donnée, In silico

**Abstract:**

Wheat is attacked by several root diseases; stems and leaves, we have identified candidate genes involved in multiple resistance to these diseases by in silico expression analysis, and developed a data base (Geneble) available to researchers to extract more easily information on resistance genes.

**Key words:** Wheat, diseases, Genes of resistance, *Triticum aestivum*, Database, Expression analysis, In silico

## ملخص:

يتعرض القمح للعديد من الأمراض على مستوى الجذور السيقان والأوراق، حددنا الجينات المرشحة للمقاومة المتعددة لهذه الأمراض من خلال التعبير الجيني في الحاسوب، وقمنا بتطوير قاعدة بيانات (Geneblé) متاحة للباحثين وذلك لاستخراج المعلومات بسهولة أكبر عن جينات المقاومة.

**الكلمات المفتاحية:** القمح، أمراض، جينات المقاومة، التعبير الجيني، *Triticum aestivum*، قاعدة بيانات. في الحاسوب.

## Liste des figures:

<b>Figure 1:</b> développement du blé.....	04
<b>Figure 2:</b> Diagramme schématique des relations entre les génomes du blé avec l'histoire et la généalogie de la polyploïdisation .....	05
<b>Figure 3:</b> Organisation du génome du blé hexaploid.....	06
<b>Figure 4:</b> Schéma de développement de différentes maladies durant tout le cycle végétatif du blé .....	11
<b>Figure 5:</b> Le piétin –vers ... ..	12
<b>Figure 6:</b> Le piétin échaudage .....	14
<b>Figure 7:</b> Rhizoctone .....	15
<b>Figure 8:</b> carie commune .....	16
<b>Figure 9:</b> charbon nu .....	17
<b>Figure 10:</b> fusariose de l'épi du blé.....	18
<b>Figure 11:</b> Septoriose de l'épi.....	19
<b>Figure 12:</b> Tache bronzée du blé .....	20
<b>Figure 13:</b> Oïdium du blé.....	21
<b>Figure 14:</b> Septoriose du blé .....	22
<b>Figure 15:</b> la rouille jaune.....	23
<b>Figure 16:</b> la rouille brune.....	25
<b>Figure 17:</b> la rouille noire.....	26
<b>Figure 18:</b> interface de MIGREW .....	35
<b>Figure 19:</b> Liste des protocoles disponible sur MASWheat.....	36
<b>Figure 20:</b> La recherche de Sr22 sur GENBANK.....	37
<b>Figure 21:</b> La séquence de Lr19.....	37
<b>Figure 22:</b> Interface de GrainGenes.....	38
<b>Figure 23:</b> Conditions de PCR et de digestion enzymatique(Lr) .....	39
<b>Figure 24:</b> Interface de Primer3 Output.....	40
<b>Figure 25:</b> l'interface graphique du programme Clustal Oméga. ....	41
<b>Figure 26:</b> Alignement multiple des séquences par la méthode Clustalw. ....	42
<b>Figure 27 :</b> Les tables de la base de données. ....	42
<b>Figure 28:</b> Arbre phylogénétique des genes Lr.....	44
<b>Figure 29:</b> Arbre phylogénétique des genes Yr.....	44

<b>Figure 30:</b> Arbre phylogénétique des genes Sr.....	44
<b>Figure 31 :</b> Arbre phylogénétique des genes de triticum aestivum. ...	45
<b>Figure 32 :</b> Interface application web. ....	49
<b>Figure 33 :</b> Interface apropos. ....	50
<b>Figure 34:</b> Interface recherche.....	.50
<b>Figure 35:</b> Interface contact.....	51



## Liste des tableaux

**Tableau01:** Stock de blé en million de thon (FAO,2022)

**Tableau02:** Les agents pathogènes des maladies

**Tableau03:** Identification et description des gènes de résistance (Lr, Yr et Sr)

## Liste des abbreviation:

**BD:** Base de Données.

**CSS:** cascading Style Sheet.

**HTML:** Hyper Text Markup Language.

**Http:** hyper Text Mark up Language.

**JS:** Java Script.

**VS:** Visual Studio code.

**NCBI:** National center for Biotechnologiy Information.

**MASWheat:** Marker Assisted selection in Wheat.

**CDS:** Séquence ADN codant.

**BAC:** Bacterial Artificial Chromosome.

**YAC:** Yeast Artificial Chromosomes.

**QTL:** Quantitative Trait Loci.

**EST:** Expressed Sequence Tags.

**SNP:** polymorphismes simples de nucléotide.

**SSR:** Simple Sequence Repeat.

**AFLP:** Amplified Fragment Length Polymorphism.

**RAPD:** Randomly Amplified Polymorphic.

**MT:** Million Tonnes.

## Table des matières:

<b>Introduction.....</b>	<b>1</b>
<b>Chapitre01: Revue bibliographique.....</b>	<b>2</b>
1 Généralités sur le blé .....	3
1.1 Historique et origine du blé .....	3
1.2 Le génome du blé : .....	4
1.3 Historique séquençage du génome du blé .....	6
1.3.1 Les outils de séquençage de génome du blé : .....	7
1.3.1.1 Construction de banque Bac et Yac de génome de blé : .....	7
1.3.1.2 Les marqueurs moléculaires : .....	7
1.3.1.3 La recherche de QTL : .....	8
1.3.1.4 Banque des mutants : .....	8
1.3.1.5 Banque des EST (expression génétique ) : .....	8
1.4 importance de blé : .....	9
1.4.1 Dans le monde : .....	9
1.4.2 En Algérie : .....	9
2 Les maladies fongique du blé : .....	10
2.1 Maladies du pied : .....	12
2.1.1 Piétin verse (Phaeosphaeria herpotrichoides) : .....	12
2.1.2 Piétin échaudage : .....	13
2.1.3 Rhizoctone : .....	14
2.2 Maladies transmise par les semences : .....	15
2.2.1 Carie commune : .....	15
2.2.2 Charbon nu : .....	16
2.2.3 fusarioses de l'épi : .....	17
2.2.4 Septoriose de l'épi : .....	18
2.3 Maladies foliaire : .....	19
2.3.1 Tache bronzée : .....	19
2.3.2 Oïdium : .....	20
2.3.3 Septoriose de Foliaire : .....	21
2.3.4 Rouilles : 22	
2.3.4.1 Rouille jaune :        22	
2.3.4.2 Rouille brune :       24	
2.3.4.3 Rouille noire ou rouille de tige : .....	25

3 Les agents pathogènes des maladies :.....	27
4 Résistance à la rouille du blé :.....	28
4.1 La méthode chimique :.....	28
4.2 La méthode biologique :.....	29
4.3 La method génétique :.....	29
5 La bioinformatique :.....	29
5.1 Généralités et objectif de la bioinformatique :.....	29
5.2 Technologie web :.....	30
5.3 Technologies front end :.....	30
5.4 Technologies back end :.....	31
<b>Chapitre02: Matériels et méthodes.....</b>	<b>32</b>
1 Matériels.....	33
2 Méthodes.....	34
<b>Chapitre03: Résultats et disscussion.....</b>	<b>42</b>
Résultas.....	43
1 Arbre phylogénitique.....	44
2 Application web.....	48
Discussion.....	51
Conclusion.....	52
Références.....	53-56

### Introduction:

De nos jours Les céréales en générale, le blé (**tendre et dur**) en particulier, constituent la principale source de la nutrition humaine et animale. Elles occupent à l'échelle mondiale une place primordiale dans le système agricole (**Slama et al. 2005**). Il occupe la première place dans la production végétale et constitue l'aliment de base de 43 pays, l'équivalent d'un tiers de la population mondiale .Il est nutritif, concentré, facile à stocker et à transporter. Il contient des hydrates de carbone (**78%**), des protéines (**14,7%**) des lipides (**2,1%**), des minéraux (**2,1%**) et des vitamines en quantité considérable (**Alam et al.2007**).

La production de blé des deux types dans le monde était estimée à **785** million de tonnes métriques, la chine et la russe étant parmi les pays les plus productifs.(**FAO 2023**) et la production de blé tendre en Afrique est estimée à 27.4 celle de blé dur à **4.3 MT** tout long de la campagne **2023\_2024** le continent importerait **56.4 MT** de blé tendre **3.4 MT** de blé dur .

Le blé peut être attaqué par de nombreuses maladies à différents stades de son développement. Ces attaques peuvent occasionner des pertes importantes lorsque les variétés utilisées sont sensibles et les conditions de l'environnement sont favorables à l'expansion des maladies (**Ezzahiri, 2001**). Les dégâts causés par les maladies et les ravageurs sont multiples et affectent la quantité et la qualité de la récolte (**Dubois et Flodrops, 1987**). Environ **80%** des maladies des plantes cultivées, en particulier les céréales, sont dues à des champignons microscopiques; ces derniers détruisent, chaque année, près du quart des récoltes mondiales (**Laffont, 1985**). Les maladies fongiques du blé causent des pertes de rendement pouvant atteindre **30%** en cas de développement épidémique (**Eyal et al. 1987**).

*Chapitre01 :*  
*Revue*  
*bibliographique*

## **1 Généralités sur le blé :**

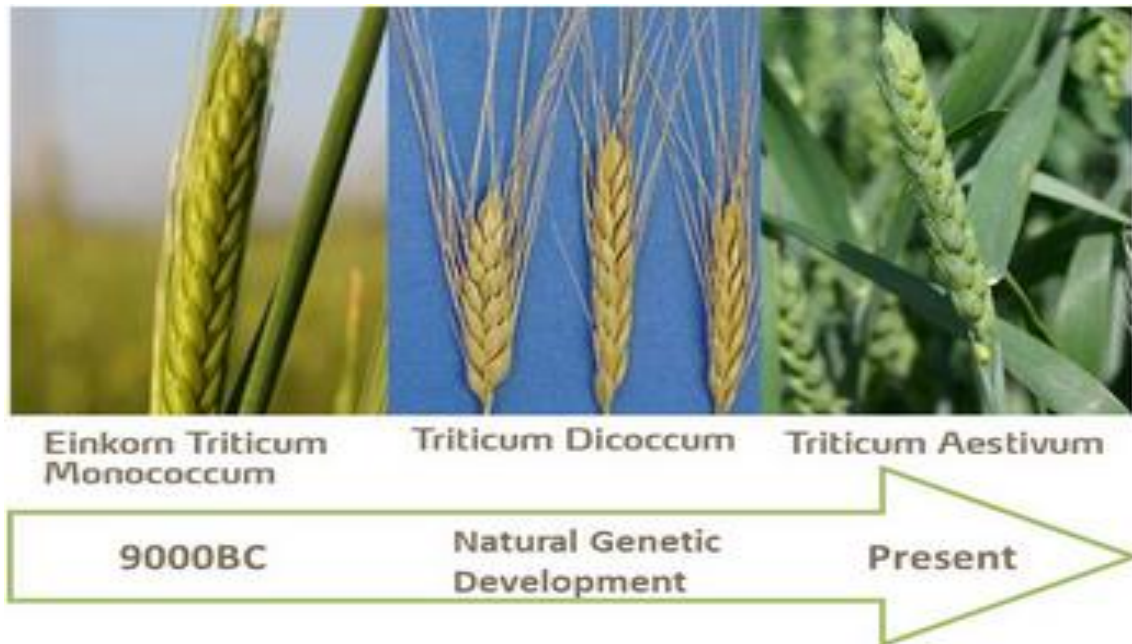
### **1.1 Historique et origine du blé :**

Les premières cultures de blé sont apparues il y a 10 000 ans, au sud-est de la Turquie. Le blé d'alors, l'engrain (*Triticum monococcum*), correspond génétiquement à une plante diploïde, c'est-à-dire contenant deux exemplaires de chaque chromosomes.

La domestication du blé amidonnier (*Triticum dicoccum*) a également débuté à la même époque. Issu de l'hybridation naturelle de deux graminées sauvages diploïdes, le *Triticum urartu* proche de l'engrain sauvage (*Triticum boeoticum*) et une variété d'égilope (*Aegilops*), ce nouveau blé est tétraploïde, c'est-à-dire qu'il comporte quatre exemplaires de chromosome. Il est donc génétiquement plus évolué. À l'instar de l'amidonnier, le blé dur est également un hybride naturel tétraploïde.

Fil du temps, les agriculteurs ont continué à sélectionner dans leurs champs les blés aux qualités les plus avantageuses (facilité de récolte, meilleur rendement, etc.). De nouvelles espèces de blé sont ainsi devenues dominantes, notamment l'épeautre et le froment qui résultent eux aussi d'un croisement naturel entre le blé amidonnier et une *Aegilope* sauvage (*Aegilops tauschii*). Ils sont devenus des blés hexaploïdes, contenant six exemplaires de chromosomes (soit un total de 42), quelque peu différents de leurs ancêtres à 14 chromosomes.

Cette évolution génétique «naturelle», quoiqu'extrêmement fructueuse, s'est déroulée sur plusieurs milliers d'années. La biotechnologie explore désormais des moyens d'accélérer les processus de gestion génétique et d'améliorer leur efficacité par le biais de manipulations des gènes hautement ciblées. (yara France).

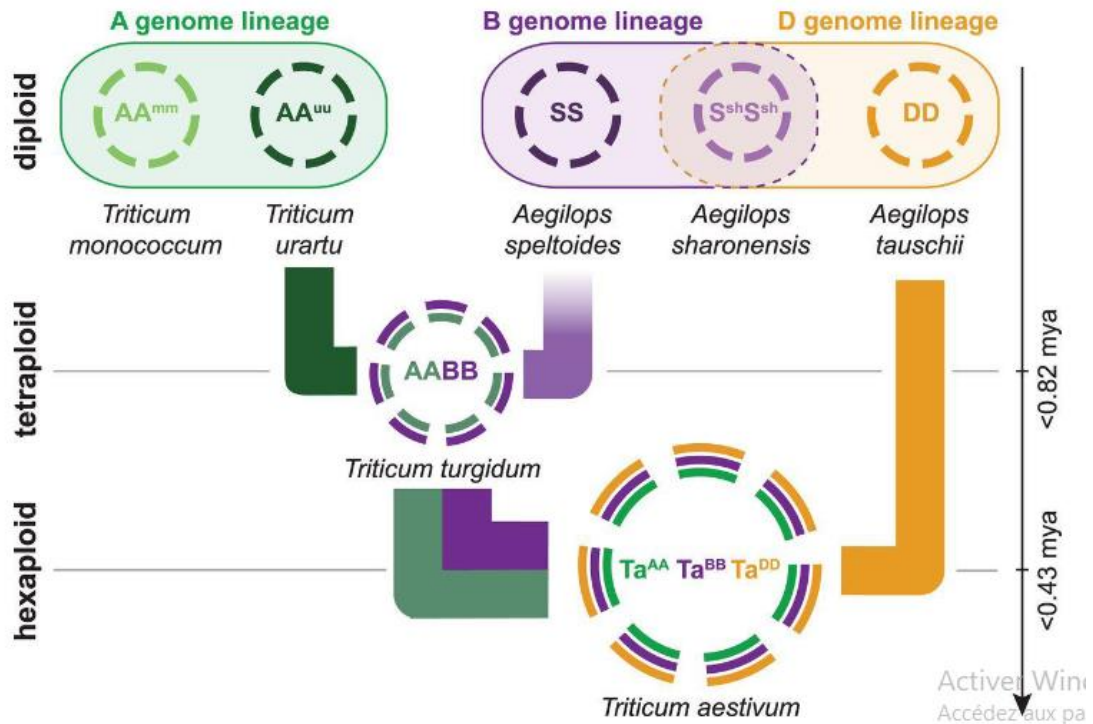


**Figure 1 : Développement du blé**

## 1.2 Le génome du blé :

Avec 16,7 Gb pour le génome nucléaire, le blé possède l'un des génomes les plus complexes parmi les céréales et, au-delà, dans l'ensemble du monde vivant. De plus, le blé comporte non pas un « simple » génome nucléaire mais un génome nucléaire composite, une association de trois génomes de trois espèces différentes, regroupés dans la même cellule et formant par là même une nouvelle espèce (figure2).



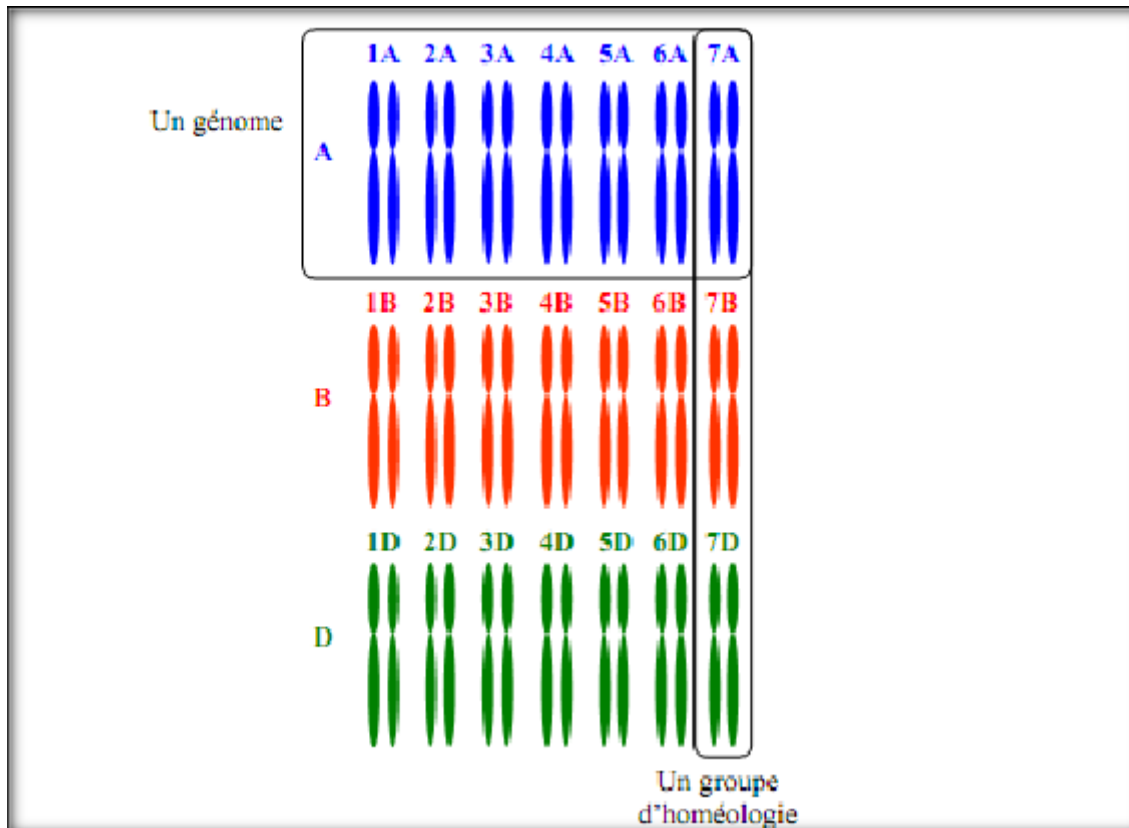


**Figure 2** : Diagramme schématisant des relations entre les génomes du blé avec l’histoire et la généalogie de la polyploïdisation (Mayer et al. 2014).

Les noms et la nomenclature des génomes sont indiqués par des cercles qui montrent une représentation schématique de la complémentarité chromosomale pour chaque espèce. les temps sont estimés selon Marcussen et al., 2014 ; ‘mya : million years ago’

le blé est constitué de 17 milliards de paires de base, dont plus de 80% de séquences répétées.

La taille ainsi que la forte proportion de séquences répétées constituent des obstacles importants pour le séquençage du génome du blé Outre un génome nucléaire, le blé possède comme tout végétal un génome mitochondrial et un génome chloroplastique. (Paux et al, 2008).



**Figure 3 :** Organisation du génome du blé hexaploïde. (Bogard.2011)

Ce génome comprend 21 chromosomes intégrant les trois génomes homologues (A, B et D) des espèces ayant successivement formé la série d'allopolyploïdes du genre *Triticum*.

L'ensemble formé par trois chromosomes homologues se nomme "groupe d'homologie" (fig.3)

### 1.3 Historique séquençage du génome du blé :

Les projet de séquençage du génome de blé qui a été commencé en 2005 par la création de Consortium International de Séquençage du Génome du Blé actuellement établi et réalisé une ébauche de la séquence du génome de blé et ont séquençé simultanément 8452 chromosomes artificiels de blé, et ont fournira des informations sur la cartographie génétique de marqueurs et avoir accès aux données de séquençage du chromosome 7B et estimé que la taille du chromosome 3B à être environ 886 Mb et ont utiliser la séquence de référence du chromosome 3B afin de mieux comprendre le rôle des duplications dans l'évolution du génome du blé, et ont décrypté 1 nucléotide de la composition de chacun des 21 chromosomes de blé et identifié 124.201 loci de gène, avec

plus de 75.000 loci ont placé le long des chromosomes et en 2014 identifié également 1.347.669 loci de marqueur et 2.310.988 polymorphismes de simples nucléotide (SNPs) et des trois ensembles homologues de sept chromosomes (1A à 7A, de 1b à 7B et de 1D à 7D).

En effet, avec toutes ces données, le décryptage de séquence de génomes de blé représente un véritable défi technique et méthodologique, qui a longtemps retardé le développement des programmes de génomique et de séquençage en particulier. Les chercheurs de l'IWGSC estiment que le séquençage complet du génome du blé pourra être réalisé en trois ans. L'accès de séquençage du génome du blé pourra être utilisé pour visionner les séquences afin d'identifier de gènes d'intérêt, puis faire la sélection assistée par marqueurs et le croisement orienté afin d'augmenter le rendement (najimi 2003).

### **1.3.1 Les outils de séquençage de génome du blé :**

#### ***1.3.1.1 Construction de banque Bac et Yac de génome de blé :***

La construction d'une banque Bac et Yac de génome de blé consiste en la production de clones de grande taille à partir de l'ADN du génome de blé en utilisant des vecteurs de clonage tels que des bactériophages artificiels (BAC) ou des chromosomes artificiels de levure (YAC).

Les clones sont ensuite séquencés pour déterminer le contenu génomique, et les séquences obtenues sont assemblées pour reconstituer le génome complet du blé.

Cette banque de données permet de mieux comprendre la structure et la fonction du génome de blé et peut être utilisée pour identifier des gènes importants pour la résistance aux maladies, la qualité des grains ou la régulation génétique du développement de la plante.

#### ***1.3.1.2 Les marqueurs moléculaires :***

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. Nous décrirons brièvement les principaux systèmes de marquage moléculaire appliqués chez le blé. (Najimi, 2003).

### **1.3.1.3 La recherche de QTL :**

Contrairement aux caractères à déterminisme simple, les caractères quantitatifs polygéniques sont soumis aux influences conjointes de différents facteurs génétiques (QTL) et de facteurs environnementaux. L'analyse de la variance et la cartographie d'intervalle (Botstein, 1989) sont les méthodes statistiques les plus utilisées pour la mise en évidence d'associations entre les locus polymorphes et le caractère étudié. Des exemples récents d'associations entre des marqueurs moléculaires et des locus impliqués dans l'expression de certains caractères quantitatifs (QTL) chez le blé tendre telle que la résistance aux rouilles brune (*Puccinia recondita* Robex Desm.) et jaune (*Puccinia striiformis* West.), à l'oïdium (*Erysiphe graminis* Em. Marchal), à la tache bronzée (*Pyrenophora tritici-repentis* (Died. Drechs.) et à la fusariose (*Fusarium graminearum* Schwabe). Ces travaux concernent les résistances quantitatives polygéniques où une bonne partie de la variation phénotypique est expliquée par la ségrégation de quelques QTL à effets majeurs. (Bordes et al, 2011).

### **1.3.1.4 Banque des mutants :**

Des méthodes originales de mutagenèse utilisent la possibilité de transformer génétiquement les plantes par des plasmides bactériens transformée par le plasmide Ti d'*Agrobacterium tumefaciens* (l'agent de la gale du collet). Le plasmide a été « désarmé » pour que les plantes ne développent plus la maladie, et il est maintenant porteur d'une construction particulière. Capable de s'insérer au hasard dans le génome, il génère une mutation à chaque fois qu'il interrompt la séquence d'un gène.

### **1.3.1.5 Banque des EST (expression génétique) :**

La cartographie d'étiquettes de gènes exprimés «EST» et l'examen de leur localisation avec des QTL pourrait apporter des évidences additionnelles en faveur du rôle de ces gènes dans la réaction de défense.

Braun et al, (2009) rapportent que des équipes anglaises ont généré un jeu de séquences courtes qui représente en nombre de bases l'équivalent de cinq fois le génome complet du blé. Ces séquences brutes, non assemblées et non ordonnées, complètent les approches antérieures de séquençage des parties exprimées du génome (EST). Elles sont

particulièrement adaptées et utiles au développement de nouveaux marqueurs utilisables à haut débit et couvrant l'intégralité du génome.

## **1.4 Importance de blé :**

### **1.4.1 Dans le monde :**

Le blé est l'une des premières plantes domestiquées par l'homme, il est largement cultivé dans le monde (XIAOJIE ET AL., 2012). Cette culture représente plus de 90% de la production mondiale des blés (GHENNAI ET AL., 2017). Le blé tendre est principalement utilisé pour faire du pain, des nouilles, des biscuits et des gâteaux (LOPES et al, 2012). Selon le Conseil International du Grain (CIC, 2023), la production mondiale du blé tendre est passée, de 611 à 785 millions de tonnes, au cours de la période allant de 2007-08 à 2022-16. Ce niveau de production dépasse largement les besoins de la population mondiale avec des stocks en hausses (CIC, 2023). La Chine, l'Union Européenne, l'Inde, la Russie et les USA sont les plus gros producteurs de blé tendre. Les pays exportateurs sont les USA, le Canada et l'Union Européenne ainsi que la Russie. Les gros importateurs sont la Chine et l'Egypte (CIC, 2023). L'Afrique participe pour 25% à la production mondiale du blé tendre (CIC, 2023).

### **1.4.2 En Algérie :**

L'Algérie a importé en moyenne plus de 12 millions de tonnes de céréales par an au cours des cinq dernières années, alors que la production annuelle était d'environ 4,92 millions de tonnes, dont 3,3 millions de tonnes de blé. En 2021, les épisodes de sécheresse qui ont frappé l'Afrique du Nord ont affecté la production de céréales.

En Algérie, la production céréalière totale en 2023 est estimée à 3,5 millions de tonnes, ce qui est inférieur à la moyenne quinquennale et environ 38 % de moins que l'année précédente (FAO;2023).

Toujours selon l'organisation internationale, « le pays importe du blé de France, du Canada, d'Allemagne, des États-Unis d'Amérique, d'Espagne et du Mexique. Pour la première fois depuis 2016, la fédération de Russie a expédié du blé en Algérie en juin 2021

Selon un rapport coproduit par le Global Agricultural Information Network (GAIN, réseau mondial d'information agricole) et le ministère américain de l'Agriculture, la consommation de blé de l'Algérie était de 11,37 millions de tonnes entre juillet 2020 et

## Chapitre 01 : Revue bibliographique

juin 2021. Pour la FAO, les stocks de céréales de l'Algérie ont progressé de 5,6 millions de tonnes en 2017 à 6,7 millions de tonnes en 2020. Ils ont par la suite reculé de -6 % à 6,3 millions de tonnes en 2021.

<b>Année</b> <b>Pays</b>	2017	2018	2019	2020	2021	2022
Algérie	6	5	7	7	6	5
Egypte	7	7	5	5	5	4
Maroc	6	7	7	6	4	6
Nigeria	3	3	3	2	2	2
Afrique	55	62	62	58	58	58

**Tableau01** : Stock de blé en million de thon (FAO ; 2022).

## 2 Les maladies fongique du blé :

Comme toutes les plantes cultivées, le blé dur et le blé tendre peuvent être victimes de diverses maladies. Celles-ci peuvent être très dommageables pour la qualité des récoltes et la production d'un champ. (payer agr.fr).

Le concept de maladie se rapporte aux anomalies observées par rapport au phénotype attendu. Lorsqu'un agent pathogène entre en contact avec une plante dans des conditions d'environnement favorables à l'infection débute le dialogue moléculaire entre l'hôte et le

parasite dont l'issue va définir le type de relation (sensibilité ou résistance) qui s'établir entre les deux protagonistes (Lepoivre, 2003). Les maladies du blé peuvent être classées selon leurs symptômes spécifiques qu'elles induisent et les parties de plante qu'elles affectent (Aouali et al., 2009)..

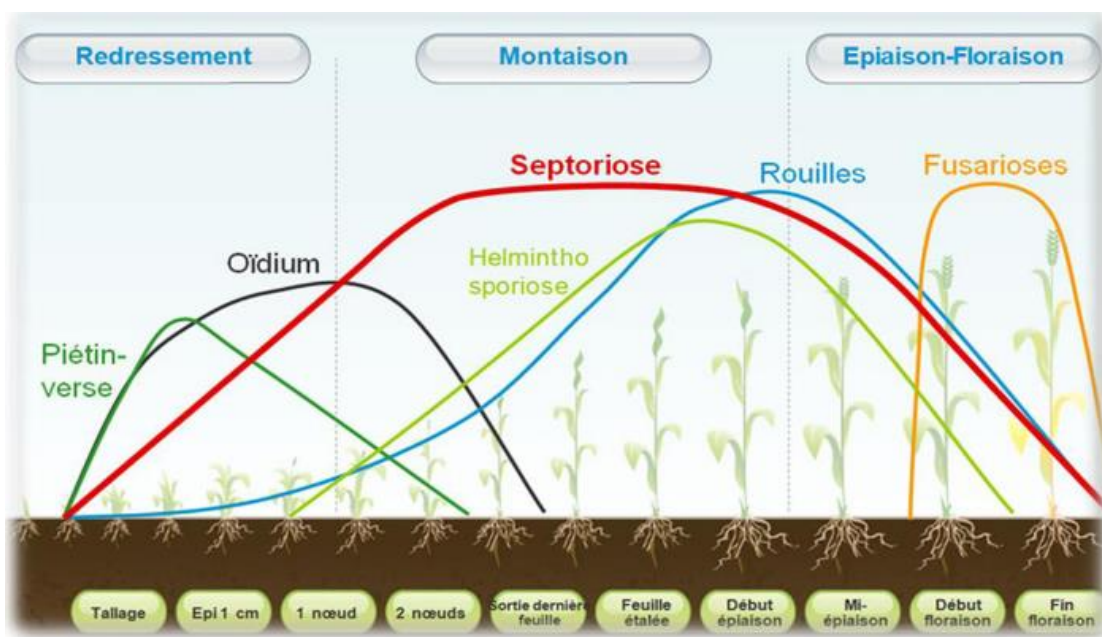
De ce fait on distingue :

- Maladies du pied (piétin verse, piétin échaudage, rhizoctone) :

ces maladies causent des fontes de semis. Elles affectent donc la première composante du rendement.

- Maladies de l'épi (fusariose, septoriose, caries, charbons) : elles affectent la qualité du grain.

- Maladies foliaires (septorioses, rouilles, oïdium, tache bronzé) : maladies qui affectent le feuillage en diminuant la surface foliaire (photosynthèse).



**Figure 4 :** Schéma de développement de différentes maladies durant tout le Cycle végétatif du blé (Anonyme, 2011).

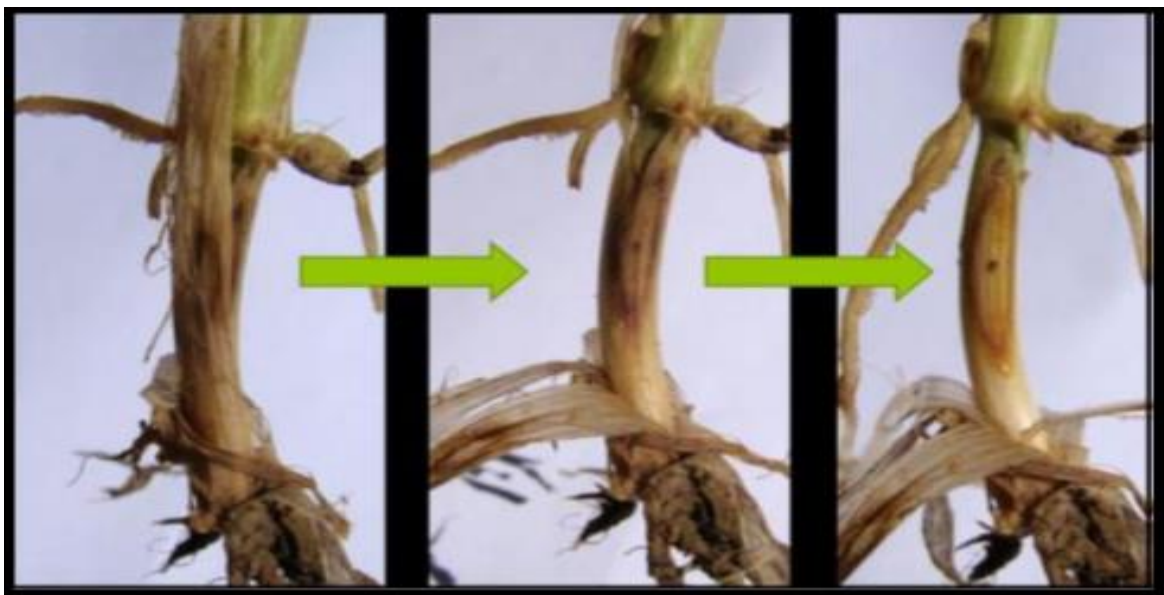
## **2.1 Maladies du pied :**

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

### **2.1.1 Piétin verse (*Phaeosphaeria herpotrichoides*) :**

Cette maladie est mondialement répandue dans les régions aux hivers doux et humides.

Piétin-verse une maladie typique causée par un manque de rotation culturale. Cette maladie, qui dépend énormément des conditions agronomiques, se développe à la base des tiges entraînant la verse parasitaire et des pertes de rendement de 5 à 20 quintaux par hectare (Rolland et al, 2012).



**Figure 5:** Le piétin –verse

#### **o Symptômes du piétin-verse sur blé:**

Les premiers symptômes peuvent être confondus avec ceux du rhizoctone ocellé et des infections dues à *Fusarium* spp.



Souvent, le seul symptôme visible est une carie brune sur la gaine des feuilles, à la base de la tige. Dans les cultures à semis précoce, les lésions du piétin-verse peuvent pénétrer une ou deux gaines de feuilles, ce qui facilite leur identification.

Les lésions causées par *Fusarium* spp. et le piétin-verse sont généralement confinées à la gaine supérieure de la feuille. Plus tard dans la saison, les symptômes du piétin-verse deviennent plus distincts et se présentent sous la forme d'une lésion en forme d'œil entourée d'une bordure foncée, généralement en-dessous du premier nœud. Plus tard encore, cette bordure est souvent foncée et diffuse, avec une « pupille » noire centrale parfois visible (BASF .fr .2019).

### **2.1.2 Piétin échaudage :**

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

#### **o Symptômes de Piétin échaudage :**

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 germinati



**Figure 6:** Le piétin échaudage (Syn.gente)

### **2.1.3 Rhizoctone :**

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

#### **o Les symptômes des Rhizoctone :**

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



**Figure 7:** Rhizoctone (terre.net)

## **2.2 Maladies transmises par les semences :**

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

### **2.2.1 Carie commune :**

La carie est une maladie très ancienne décrite par Pline l'Ancien ses origines ont été découvertes en 1750 par le naturaliste Tillet. Jusque dans les années 1950, le charbon était la maladie la plus destructrice du blé. Les conséquences économiques pour la filière semence sont importantes car les rendements des lots pourris peuvent chuter de 80 % et la qualité sanitaire des semences se modifie. Les traitements chimiques des semences ont permis de contrôler la maladie en agriculture conventionnelle, mais la carie reste un risque majeur en agriculture biologique (Gambaro, 2017).

#### **o Les symptômes du Carie commune :**

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).



**Fichier 8 : carie commune** (jshweitzer.fr)

### **2.2.2 Charbon nu :**

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

#### **o Les symptômes du Charbon nu :**

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).



**Fichier 9** : charbon nu (bretagne.synagri.com)

### **2.2.3 fusarioses de l'épi :**

La fusariose de l'épi est une maladie fongique qui peut survenir chez toutes les céréales cultivées qui attaquent tous les organes des plantes (Bailey et al, 2004 in Bérubé, 2010).

Les champignons responsables de cette maladie appartiennent à deux genres ; *Fusarium* et *Microdochium* (Rahmani et al., 2015).

#### **o Les symptômes du Fusariose de l'épi :**

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



**Fichies 10** : fusariose de l'épi du blé ( aravalis\_infos.fr).

#### **2.2.4 Septoriose de l'épi :**

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

##### **o Les symptômes de l'épi :**

Les symptômes de *Septoria nodorum* se manifestent sur le feuillage et sur les glumes, la gaine des feuilles et les nœuds. Sur les feuilles, on peut observer des taches ovales ou brunes, elles peuvent être entourées d'une chlorose ou d'un jaunissement périphérique. Lorsqu'elles sont abondantes, elles se rejoignent et forment de grandes plages nécrotiques (Ezzahiri, 2001).



**Fichier 11 : Septoriose de l'épi (agrifind.fr)**

### **2.3 Maladies foliaire :**

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

#### **2.3.1 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 )

##### **o Les symptômes des Tache bronzé :**

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).



**Fichier 12 :** Tache bronzée du blé (semencemga.fr).

### **2.3.2 Oïdium :**

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

#### **o Les symptômes du Oïdium :**

L'oïdium produit des croissances fongiques cotonneuses blanches à grises à la surface des feuilles supérieures. Cette maladie peut se manifester sur n'importe quelle partie aérienne de la plante, mais elle est généralement plus fréquente sur la face supérieure des feuilles inférieures. Des taches blanches à grises du champignon apparaissent au début de la saison de croissance. En Géorgie, la maladie apparaît généralement entre février et mai selon la zone de culture, la variété plantée et les conditions environnementales. Les taches ou pustules poudreuses blanches produisent un grand nombre de petites conidies asexuées (également appelées oïdium) en longues chaînes qui sont facilement emportées par le vent et la pluie. Lorsque l'oïdium est grave, la feuille entière devient jaune et meurt. Plus tard dans la saison, de petits organes de fructification fongiques noirs immergés dans le tissu fongique gris. L'oïdium peut causer un grave flétrissement des feuilles supérieures et peut attaquer la tête des variétés sensibles (Alfredo et al, 2014).





**Figure 13:** Oïdium du blé (agro.basf.fr).

### **2.3.3 Septoriose de Foliaire :**

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

#### **o Les symptômes de Septoriose de Foliaire :**

En Algérie, *Septoria tritici* qui affecte les feuilles est l'espèce la plus causale de dégâts pendant une période relativement longue d'humidité (15 à 20 h) et du fait d'une température optimum de 22°C peut attaquer la culture dès la levée (Anonyme, 2017). Les premiers symptômes apparaissent sur les feuilles inférieures et progressent au fur et à mesure vers les feuilles supérieures de la plante dans des conditions favorables au développement du champignon. La maladie se manifeste par l'apparition de taches rectangulaires chlorotiques, de taille varie pour qu'elles ensuite deviennent nécrotiques (Ben slimane, 2011).



**Figure 14 :** Septoriose du blé (Adama agricultural solution )

### **2.3.4 Rouilles :**

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

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

#### **2.3.4.1 Rouille jaune :**

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

##### **o Les symptômes de Rouille jaune :**

Les pustules sont sous forme globuleuse et couleur jaune ou orange, disposées en strie le long de nervures des feuilles d'où le nom de l'espèce. Elles peuvent aussi se développer

sur la face inférieure des feuilles et sur les épis et les grains (Aouali et Douici-Khalfi, 2009)



**Figure 15:** la rouille jaune ( agro.basf.fr).

○ **Cycle de vie et facteurs favorables :**

Le champignon passe l'hiver sous forme d'urédospores sur les repousses de céréales ou les cultures à semis automnal précoce ou de mycélium en dormance. Sous cette dernière forme, moins exposé aux conditions hivernales hostiles, le champignon peut survivre à de très faibles températures (jusqu'à  $-10^{\circ}\text{C}$ ). Au printemps, lorsque le climat devient frais et humide, le champignon reprend son développement pour initier les contaminations secondaires via la production de nouvelles urédospores. Ces urédospores présentent la caractéristique d'être regroupées en amas appelés «unités de dissémination».

Des températures comprises **entre 10 et 15°C** et un **taux d'humidité relative voisin de 100%** sont les conditions optimales pour la germination des spores, la pénétration des tubes germinatifs dans l'hôte végétal et la production de nouvelles spores ensuite disséminées par le vent. Le vent va permettre la dispersion des spores à la fois sur de courtes et de longues distances. La rouille jaune présente une très forte capacité de sporulation.

Le champignon est généralement inhibé par les températures supérieures à  $20^{\circ}\text{C}$ , même s'il existe des souches tolérant les fortes températures. Le cycle complet de la

maladie, de l'infection à la production de nouvelles spores, peut être achevée en sept jours dans des conditions idéales et se répéter de nombreuses fois en une saison.(agro.basf.fr)

#### **2.3.4.2 Rouille brune :**

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

##### **o Les symptômes de Rouille brune:**

La rouille brune apparaît plus tardivement que la rouille jaune. En général, elle se développe vers la fin du mois de mai. Cependant, lorsque l'hiver est doux et le semis précoce, elle peut être observée dès le stade 2 nœuds (<http://www.cereales.be>). La rouille brune est caractérisée par les urédies qui sont des fructifications rondes ou ovoïdes pouvant atteindre 1,5 mm de diamètre. Ces pustules sont de couleur jaune à orangée. Les urédies ne causent pas de chlorose ou de nécrose dans les tissus de l'hôte. Contrairement à la rouille jaune, la rouille brune est répartie uniformément dans le champ. De plus, les pustules sont distribuées aléatoirement sur le limbe supérieur de la feuille. De la poudre brune est libérée des urédies : il s'agit des spores de la rouille brune. Celles-ci sont rondes et légères ce qui leur permet d'être facilement emportées par le vent. Elles sont également facilement observables à la binoculaire lors de leur libération. Il n'est pas toujours aisé de distinguer la rouille brune de la rouille jaune. La plus grosse différence réside dans la répartition de ces maladies. En effet, la rouille jaune est répartie en foyers dans le champ. De plus, ses pustules sont alignées sous forme de stries. La rouille brune se retrouve, quant à elle, de façon homogène dans le champ et ses pustules sont plus grosses et réparties aléatoirement sur la feuille (<http://www.cereales.be> ).



**Figure 16:** la rouille brune ( agro.basf.dr)

○ **Cycle de vie de la rouille brune:**

Le champignon hiverne essentiellement sur les repousses de céréales et les cultures à semis précoce. Jusqu'à peu, la maladie était rarement sévère au printemps, car la sporulation et la germination des spores requièrent des températures comprises entre 15°C et 22°C, et une humidité relative de 100 %. Ainsi, les épidémies de rouille brune surviennent normalement de mi-été à la fin d'été, avec les jours de vent sec qui disséminent les spores, et les nuits fraîches avec rosée, favorables à cette maladie du blé.

Du fait du changement climatique, les hivers doux et les printemps chauds devraient devenir plus fréquents ; la rouille brune pourrait ainsi devenir un problème beaucoup plus récurrent plus tôt dans la saison (agro.basf.fr).

### **2.3.4.3 Rouille noire ou rouille de tige :**

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

○ **Les symptômes du Rouille noire ou de tige :**

Observée non seulement sur blé, mais aussi sur orge et avoine, cette maladie se manifeste par des pustules sporifères brunes (et non noires comme l'appellation)

et allongées qui apparaissent surtout sur les tiges et un peu moins sur les feuilles, mais peuvent atteindre même les épis. Lorsque l'attaque est forte, les pustules deviennent coalescentes. Ces pustules correspondent à des uréides libérant des urédospores après éclatement de l'épiderme de la plante hôte. Lorsque la plante hôte commence à mûrir, des pustules noires apparaissent, elles correspondent à des télies productrices des télidiospores. Ces dernières sont libérées après éclatement de l'épiderme de la plante hôte (Nasraoui, 2006).



**Figure 17:** la rouille noire (agroteh-garant.ru).

### o **Cycle de vie de la rouille noire :**

Le champignon développe des téléutospores sur le plant de blé, qui produisent une spore secondaire, la basidiospore. Celle-ci infecte un hôte totalement différent, l'épine-vinette (*Berberis* spp.). Sur l'épine-vinette, une nouvelle spore fait son apparition, l'écidiospore, qui peut se propager et réinfecter la céréale hôte. Cette infection donne naissance à l'urédospore, qui provoque les symptômes normaux sur le blé. Les flambées infectieuses sont causées par des spores aériennes originaires du sud-ouest de l'Europe et du nord de l'Afrique ; par conséquent, l'infection se produit généralement lorsque des mouvements d'air adéquats se créent.

La température optimale est supérieure à 20°C. Aussi, les mouvements d'air doivent être associés à des températures élevées. Les températures inférieures à 15°C inhibent le développement de la maladie (agro.basf.fr).

**3 Les agents pathogènes des maladies :**

Piétin verse	Culimacula /Tapesia acuformis
Piétin échaudage	Gaeumannomyces graminis
Rhizoctone	rhizoctonia cerealis
Carie commune	champignons basidiomycètes
Charbon nu	Ustilago tritici.
fusarioses de l'épi	f. graminearum, F. culmorum
Septoriose de l'épi	Septoria nodorum
Rouille jaune	Puccinia striiformis f.sp
Rouille brune	Puccinia triticina Erik
Rouille noire	Puccinia graminis
Tache bronze	Pyrenophora tritici-repentis

Oïdium	Blumeria graminis
Septoriose	Septoria tritici

**Tableau02** : les agents pathogène des maladies

#### **4 Résistance à la rouille du blé :**

La résistance aux rouilles du blé peut être obtenue à travers différentes méthodes, notamment la méthode chimique, biologique et génétique.

##### **4.1 La méthode chimique :**

Avec l'apparition des pesticides de synthèse, il y environ 50 ans, certains ont imaginé que les ennemis des cultures seraient battus en brèche et éliminés. De toute évidence, cela ne s'est pas produit. Toutefois, l'augmentation de la quantité et de la qualité des denrées agricoles produites n'est certainement pas étrangère à l'utilisation des pesticides, et les agricultures ayant accès aux pesticides de synthèse sont rarement victimes d'infections dévastatrices (YEZLI, 2011).

Les principales matières actives utilisées seules ou en association:

- Epoxiconazole, matière active qui appartient au groupe chimique des triazoles.
- Spiroxamine, inhibiteur de la biosynthèse de stérols ayant un effet fongicide et une activité systémique (SANTÉ CANADA, 2015).
- Tébuconazole, composé chimique appartenant à la famille des triazoles. Il est utilisé pour ses propriétés anti-fongiques comme substance active de produits phytosanitaires et biocides (FOUILLEN, 2011).
- Triadimenol, fongicide systémique avec l'action protectrice, curative et éradiquant. Absorbé par les racines et les feuilles, avec la translocation prêle dans de jeunes tissus croissants, mais moins de translocation prêle dans des tissus plus anciens et boisés.



- Propiconazole, mis au point en 1979 par Janssen Pharmaceutica, de la famille des triazoles.
- Cyproconazole, appartient à la famille des triazoles (FOUILLEN, 2011).

## **4.2 La méthode biologique :**

La lutte biologique peut être définie comme étant l'introduction d'un ennemi naturel à un ravageur/pathogène donné pour réduire les dommages causés par ce dernier. Les ennemis naturels ainsi que les ravageurs/pathogènes sont de plusieurs natures: plantes, insectes, nématodes, champignons, bactéries, virus, etc. Un biopesticide est composé d'un organisme vivant (Plante, nématode, bactérie, champignon ou virus) ou d'un produit dérivé de cet organisme, qui est utilisé pour supprimer ou réprimer un ravageur/pathogène. Plusieurs biopesticides ont pour principes actifs des microorganismes antagonistes. Les microorganismes peuvent exercer une activité antagoniste selon différents mécanismes incluant: la compétition, les interactions directes cellule à cellule, l'antibiose, la dégradation des signaux de quorum sensing (QS), et les actions sur la résistance de l'hôte (BOJANOWSKI, 2011) . Parmi les champignons antagonistes les plus utilisés dans la lutte biologique contre les maladies.

## **4.3 La méthode génétique :**

La résistance génétique est l'une des principales méthodes de lutte contre cette maladie, il existe plusieurs gènes de résistance qui ont été identifiés et caractérisés ces gènes de résistance confèrent une protection contre les différentes races de la maladie.

Dans cette recherche nous avons identifié des gènes candidats pour la résistance à la rouille du blé.

## **5 La bioinformatique :**

### **5.1 Généralités et objectif de la bioinformatique :**

La bio-informatique est l'étude de la biologie, de l'informatique et des technologies de l'information. De nombreux scientifiques qualifient ce domaine de biologie computationnelle. La bio-informatique utilise à la fois des outils de calcul et d'évaluation pour collecter et traduire des données biologiques ( [www.zdnet.fr](http://www.zdnet.fr)).

Le terme de "bio-informatique" date du début des années 80. Le concept sous-jacent de traitement de l'information biologique est bien plus vieux. Durant les années 60, la biologie moléculaire a eu besoin de modélisation formelle, ce qui a mené à la création des "biomathématique". L'apparition de la bio-informatique n'est donc pas une conséquence de la génomique (séquençage d'un génome et son interprétation), mais plutôt une de ses fondations. La bio-informatique est l'étude de l'information biologique. Ce n'est pas simplement l'application à la biologie de l'informatique ; c'est une branche à part entière de la biologie. La bio-informatique actuelle se concentre surtout sur l'étude des séquences d'ADN et sur le repliement des protéines .

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

### **5.2 Technologie web :**

Le Web est « un système pourvu de normes universellement acceptées pour le stockage, la récupération, la mise en forme et l'affichage des informations au moyen d'une architecture client/serveur » (Laudon et Laudon, 2001, p. 387). Derrière cette définition assez simple se cache deux caractéristiques essentielles : d'une part le web n'est pas une technologie mais un système technologique complexe (Kogut, p.8) au sens où il est composé de plusieurs sous-systèmes (infrastructure physique, terminaux et serveurs, logiciels, accords techniques) et d'autre part, certaines de ces technologies sont totalement transparentes pour les utilisateurs.

Il faut donc bien distinguer ce qui relève des composantes techniques et ce qui relève des fonctionnalités apportées par le système technologique.

### **5.3 Technologies front end :**

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

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

- **CSS** : permet de d'alléger les pages HTML en décrivant le style des pages HTML et laissant à ce dernier la description du contenu.
- **JavaScript** : langage de programmation pour créés des applications web.
- **Bootstrap** : est un frame work open-source de développement web.

### **5.4 Technologies back end :**

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

- **Python** : est devenue l'un des langages de programmation les plus populaires actuellement Ce langage est également connu comme le meilleur langage pour la création d'application web.
- **Django**: frame work de développement web base sur python.
- **MySQL work penche** : est un Système de Gestion des Bases des données (SGBD) Open Source très rapide, robuste et multiutilisateur.

***Chapitre 02 :***  
***Matériels et méthode***

## **1. Matériels:**

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

Nous avons utilisé :

### **Clustal Omega :**

un programme informatique d'alignement de séquences multiples utiliser pour aligner trois ou plusieurs séquences biologiques tels que des séquences d'AND, d'ARN ou de protéines. Et les l'un des outils d'alignement de séquence les plus largement utilisés et est base sur un algorithme d'alignement progressif.

### **MIGREW:**

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

### **L'interface Web MAS Wheat:**

qui fournit une liste complète de protocoles pour plusieurs marqueurs moléculaires pour les genes de résistance chez le blé.

### **GENBANK:**

Est une base de données publique complète de séquences nucléotidiques et d'annotations bibliographiques et biologiques. Nous avons accéder à GENBANK pour la recherche des séquences des gènes par leurs noms.

### **Grain Genes :**

Est la base de données internationale des génomes du blé, de l'orge, du seigle et de l'avoine. Pour ces espèces, il s'agit du principal référentiel d'informations sur les cartes génétiques, les sondes et amorces de cartographie, les gènes et les allèles. La documentation comprend des données telles que les séquences d'amorces, chromosomes, et les descriptions des polymorphismes.

### **PRGdb:**

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

**HTML , CSS , Javascript , bootstrap , django , mysqlworkbenche , python**

## **2. Méthodes:**

- Recherche des gènes liés à la résistance aux maladies du blé :

A partir de la base de données MIGREW, nous avons trouvé un site MASWheat qui nous a fournis une liste des gènes de résistance du blé.

[MIGREW: database on molecular identification of genes for resistance in wheat - PubMed \(nih.gov\)](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/)

The screenshot shows the PubMed search results page for the query 'wheat stem rust'. The page header includes the NIH National Library of Medicine logo and a 'Log in' button. The search bar contains the text 'wheat stem rust' and a 'Search' button. Below the search bar are options for 'Advanced', 'Create alert', 'Create RSS', and 'User Guide'. The results section shows 559 results, sorted by 'Best match'. The first result is titled 'Wheat Genes Associated with Different Types of Resistance against Stem Rust (Puccinia graminis Pers.)' and is listed as item 1. The second result is 'Wheat stem rust recorded for the first time in decades in Ireland.' listed as item 2. On the left side, there is a 'RESULTS BY YEAR' bar chart showing a significant increase in publications starting around 2015 and peaking in 2023. Below the chart is a 'TEXT AVAILABILITY' section with checkboxes for 'Abstract' and 'Full Text'.

**Figure 18:** interface de MIGREW.

- A travers MASWheat on a choisi une liste des gènes de résistance aux maladies :
  - Gènes de résistance à la rouille des feuilles : 10 gènes.
  - Gènes de résistance à la rouille des tiges : 10 gènes.
  - Gènes de résistance à la rouille striée : 10 gènes.

The screenshot shows the MASWheat website interface. At the top, there is a navigation bar with 'Home', 'Protocols', and 'News'. Below this, the 'Protocols' section is highlighted. The main heading reads 'The complete list of protocols available on MASWheat'. Underneath, there are three bullet points listing protocols: 'Stem rust resistance genes', 'Stripe rust resistance genes', and 'Leaf rust resistance genes'. To the right, a 'Recent content' section lists three items: 'Agronomic, Quality and Yield Traits' (2 months ago), 'Plant height gene Rht25' (2 months ago), and 'Polyphenol oxidase (PPO) activity' (5 months ago). A fourth item, 'WAP01. A candidate gene for spikelet', is also listed.

**Figure 19:** Liste des protocoles disponible sur MASWheat

- Recherche les séquences des gènes :

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



**Nucleotide** Nucleotide  Search

Species Summary 20 per page Sort by Default order

Plants (19)

Molecule types: genomic DNA/RNA (15), mRNA (4)

Source databases: INSDC (GenBank) (19)

Sequence Type: Nucleotide (19)

Sequence length: Custom range...

Release date

Filters: [Manage Filters](#)

Results by taxon: Top Organisms [Tree] Triticum monococcum (14), Triticum aestivum (5)

Analyze these sequences: Run BLAST

Find related data: Database: Select

Search details: Sr22[All Fields] AND

Items: 19

1. [Triticum aestivum cultivar Auqab 2000 wheat stem rust resistance protein \(Sr22\) mRNA, complete cds](#)  
2,823 bp linear mRNA  
Accession: MH546067.1 GI: 1476021522  
[Protein](#) [Taxonomy](#)  
[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

2. [Triticum aestivum cultivar MaxiPak hypothetical protein \(Sr22\) mRNA, complete cds](#)  
2,823 bp linear mRNA  
Accession: MH512000.1 GI: 1409653134

**Figure 20:** La recherche de Sr22 sur GENBANK

➤ Nous avons pris la séquence, CDS et la taille du gène Lr19:

Nucleotide Nucleotide  Search

FASTA

Change region shown: Whole sequence, Selected region (from: 455544796 to: 455549154)

Customize view: Display options (Show reverse complement, Show gap features)

Analyze this sequence: Run BLAST, Pick Primers

LinkOut to external resources: Dryad Digital Repository

Recent activity: LOC543388 [Triticum aestivum]

NCBI Reference Sequence: NC\_057805.1

[GenBank](#) [Graphics](#)

>NC\_057805.1:c45549154-45544796 Triticum aestivum cultivar Chinese Spring chromosome 4D, IWGSC CS RefSeq v2.1, whole genome shotgun sequence  
GGCTGCCCCGAGAGGTGCGATCCGGGAGAGGCGCGCTCGGAGAGGCGGATCCAGCGAGGCGACCC  
GGCAGGGGGGGGACGCGCGCTCGTACGTAGCGCGCTCGTGGTGTCCCTGGCGACTGATTTGGGTAGCG  
CGGTGGATGGGTAGGAGGATGAGGAGCGCGCATGTGTTTGGCCAGGTGCTCACTGCGCGACTGCG  
TCAAAAGGCGGCTGCTAGGACTGACTTAATTAGCAGCGCGTACGCGCTGAGCTTGACTTGCATCT  
GCCATGGATATTGATCACGGCAGAGAGGAGCGGCGGAGATGGTGGGACCATCGCCAGCTGGGGCTGC  
TGCTCCACTCGCTTCCGCCGGCTCGGGGCTCGCGCCGCGGGTTCGCCGGAAGGTGGGCGGCGCG  
GCGGAGGACCCGAGGCGGGTGGCGCACTCGCTCAAAGTCGGCTGGGCTCGCGTGGTGTCCGTGCT  
TACTTCGTCAAGCGGCTTCAACGGCTCGGGGTGTCGGGATAGGGCGTGTCCACCGTCCGCTCGCG  
TCATGGAGTACACCGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT  
TCTGAAGCTGAT  
TTGAACAGAGCTTGGCGAGCTTGGTGGCTGGCTGCATCGCCGTGGAGCTCATCAGTGGTGGTGGTGGT  
CTGAACGCTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT  
TCACTATTTTAAAGAGAGAGGAGTGCATGGTAAAGTAACTTGGAGCTCTTTTAAATTAATCTCTC  
CGTCTAACATAGTGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT  
ATGATGCTCCTTGCATACATGATGGATTGGTATTCAACGACGCTCAGCGGCGAGCTTCTGGGCTTCA  
CCCAGAGTCAAGGCAAGTACGACTACGCGGTGACCATCTTCACTAGCTGACTTGGTCTGGTGGCGGTG  
TCGAGCTACAGAGTGGAGGCTCATCAAGCTCGCGCACAGCGGTTCTACACCATAGCGGCTGGCGCT  
TCACTGCTCTGCAACCGCTTCT  
CGGCAACTCGAACAACCTCGCTCAGTTCATTGAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAA  
GTACGCTCCCAATAGTACCAGGAGTGTATTCAACATTCATGACAAAGATGTCGTCATTGCTGATTA  
ATTATAGTTTTGACATCTGGTTTAAACACTGTTATCGTAGCCTTGTAGTTTACAAATGACAGCT  
GATGGGGCTGATTAATACTGAAATGTGTCACTGAGAGAAAAAACTGACAGGACAGTGTGGCG  
ACCAAGCATCAAAATGGCCCGGTGCAGGATACATCCCCCTCACTGAGCATAAATGTTGGTTTTAT  
GGGTGATATACACCTTATAGAAAAAAGTAAATTAATAAAGTAAAAATCTGAAAAATTTTTT

**Figure 21:** La séquence de Lr19

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

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

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

The screenshot shows the GrainGenes database interface. At the top, there is a navigation bar with links for Home, GrainGenes Tools, Query Data Types, Resources, Collaborations, About, and Feedback. Below the navigation bar is a search box with the query '\*Lr21\*' and a dropdown menu set to 'Gene'. The main content area displays the 'GrainGenes Gene Report: Lr21 (Triticum)'. The report includes the following information:

- Gene: Lr21 (Triticum) [ Marker Report ]
- Synonym: Other name Lr21 (Aegilops)
- Gene Class: Reaction to Puccinia recondita Rob. ex Desm.
- Pathology: Leaf Rust
- Locus: Lr21
- Reference:
  - Huang L and Gill BS (2001) An RGA-like marker detects all known Lr21 leaf rust resistance gene family members in Aegilops tauschii and wheat Theoretical and Applied Genetics 103:1013.
  - Rowland GG and Kerber ER (1974) Telocentric mapping in hexaploid wheat of genes for leaf rust resistance and other characters derived from Aegilops squarrosa. Canadian Journal of Genetics and Cytology 16:137-144.
  - Fritz A MAS Wheat. Bringing Genomics to the Wheat Fields. Disease resistance. Leaf Rust Resistance. Lr21 MAS Wheat. Marker Assisted Selection In Wheat.
- URL: Protocol for Lr21 at MASwheat
- Chromosome: 1D
  - Kerber ER and Dyok PL (1979) Resistance to stem rust and leaf rust of wheat in Aegilops squarrosa and transfer of a gene for stem rust resistance to hexaploid wheat. Proceedings of 5th International Wheat Genetics Symposium 358-364.

**Figure 22:** Interface de Grain Genes.

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

[Rusts resistance genes Lr19, Sr25 and color gene Y | MASWheat \(ucdavis.edu\)](https://maswheat.ucdavis.edu)

**PCR conditions:**

- Denaturing step: 94°C, 5 min
- 35 cycles of: [94°C 30 sec, 56°C 30 sec, 72°C 60 sec]
- Extension step: 72°C, 10 min

**Expected products**

PCR products were separated on an 8% polyacrylamide gel.

- Psy1-A1a: 1776 bp
- Psy1-A1l: 1089 bp
- Psy1-A1o: 897 bp
- Psy1-B1n: 1086 bp
- Psy1-B1o: 1054 bp

**Figure 23:** Conditions de PCR et de digestion enzymatique(Lr)

- Primer3: Nous avons mis la séquence du gène au format fasta, ce qui nous donne l'amorce R et l'amorce F.

[Primer3 Input](#)

**Primer3web** version 4.1.0 - Pick primers from a DNA sequence. [disclaimer](#) [cautions](#)

Select the **Task** for primer selection [generic]

**Template masking before primer design (available species)**

Select species [Example: Mus musculus] Nucleotides to mask in 5' direction [1]  
 Primer failure rate cutoff [ < 0.1 ] Nucleotides to mask in 3' direction [0]

Paste source sequence below (5'→3', string of ACGTNacgtn -- other letters treated as N -- numbers and blanks ignored). FASTA format ok. Please N-out undesirable sequence (vector, ALUs, LINE use a [Mispriming Library \(repeat library\)](#)) [NONE]

```

ATCTGCATAGCTGAGTGAAGTGTGAGGAACTTTAGACTTCTCAGCCAGTGCAGGTTGGAAAG
AAGACCAAGTAACTTATGGACAGTCTCACAAGATTCATGATCGAAGAAATAGTCTTTAAATATCAC
AACATTTGCTCACTAAATTTGTTTCCCAAAGAAATCTCAAGGAGGTGAACACAAGGAGAGTGTG
GCTGGGATCATACTGATCGGACATGATCTATACATGAAGGTAAAGAAATCGTGTCTCTATGACTGG
CTGGCATTATCTTCTCAGTTTACAATTAAGAAAAAACAAGACTGCTTATCTGAGTTACAAGAAAG
  
```

Pick left primer, or use left primer below  Pick hybridization probe (internal oligo), or use oligo below  Pick right primer, or use right primer below (5' to 3' on opposite strand)

[Pick Primers](#) [Download Settings](#) [Reset Form](#)

**Sequence Id** [ ] A string to identify your output.  
 E.g. 50.2 requires primers to surround the 2 bases at positions 50 and 51. Or mark the [source sequence](#) with [ and ]: e.g. ...ATCT[CCCC]TCAT.  
 that primers must flank the central CCCC.

**Targets** [ ] E.g. 27 requires one primer to overlap the junction between positions 27 and 28. Or mark the [source sequence](#) with -: e.g. ...ATCTAC-TGTCAT  
 that primers must overlap the junction between the C and T.

**Overlap Junction List** [ ] E.g. 401,7 68,3 forbids selection of primers in the 7 bases starting at 401 and the 3 bases at 68. Or mark the [source sequence](#) with < and >: e.g.  
 ...ATCT<CCCC>TCAT. forbids primers in the central CCCC.

**Excluded Regions** [ ] See manual for help.

**Pair OK Region List** [ ] See manual for help.

**Figure 24:** Interface de Primer3 Output.

## Prétraitement de donnée :

On utilise le logiciel Clustal Omega pour traiter les données des gènes qui peuvent être étudiés et faire un arbre phylogénétique.

-Nous organisons les séquences dans des fichiers en Bloc sous format « Txt ».

-Nous allons sur le lien du site web «<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>» qui nous fournit le programme «Clustal Omega» pour nous proposer un alignement multiple de séquences de nos instances.

The screenshot shows the Clustal Omega web interface. At the top, there is a navigation bar with links for EMBL-EBI, Services, Research, Training, Industry, and About us. The main header features the Clustal Omega logo and a navigation menu with options like Input form, Web services, Help & Documentation, and Bioinformatics Tools FAQ. Below the header, there is a breadcrumb trail: Tools > Multiple Sequence Alignment > Clustal Omega. A service announcement banner is visible, followed by the main heading 'Multiple Sequence Alignment'. The text below explains that Clustal Omega is a new multiple sequence alignment program. An important note states that the tool can align up to 4000 sequences or a maximum file size of 4 MB. The interface is divided into two steps: 'STEP 1 - Enter your input sequences' and 'STEP 2 - Set your parameters'. In the 'STEP 1' section, there is a dropdown menu for 'Enter or paste a set of' sequences, currently set to 'DNA'. Below this is a large text area for entering sequences in any supported format. At the bottom of the 'STEP 1' section, there are links for 'Use a example sequence', 'Clear sequence', and 'See more example inputs'.

**Figure 25:** l'interface graphique du programme Clustal Oméga.

-Puis nous avons envoyé le fichier au logiciel « Clustal Omega » intégré sur le site web « [www.ebi.ac.uk](http://www.ebi.ac.uk) », puis appuyez sur « submit » pour réaliser l'alignement multiple.

Attendez quelques instants jusqu'à ce que le résultat apparaisse.

Service Announcement

The new Job Dispatcher Services beta website is now available at <https://www.ebi.ac.uk/Tools/jdispatcher>. We'd love to hear your feedback about the new webpages!

Results for job clustalo-I20230616-110548-0868-97060091-p1m

Alignments | Result Summary | Guide Tree | Phylogenetic Tree | Results Viewers | Submission Details

Download Alignment File

CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

```

DQ072271.1 ..... 0
DQ072263.1 ..... 0
DQ072264.1 ..... 0
DQ072265.1 ..... 0
DQ072269.1 ..... 0
DQ072267.1 ..... 0
DQ072268.1 ..... 0
DQ072266.1 ..... 0
AB243164.1 GGGGGGAGCGCGCTGAAGCGAAAAGCGCTTGGGTCCGTGCACTCGGTGACATCGGCCA 60
DQ072261.1 ..... 0
AV325736.1 .....TGGTTGCACAGACATCC-----TTAATAAAAATCCGAGGSCACC----- 39
GU230854.1 ..... 0
FJ212301.1 ..... 0
DQ251467.1 ..... 0
FJ212305.1 ..... 0
AV939831.1 .....TTAATAAAAATCCGAGGSCACC----- 21
DQ251488.1 ..... 0
FJ212304.1 ..... 0
DQ251490.1 ..... 0
FJ212306.1 ..... 0
HT048403.1 ..... 0
    
```

Figure 26: Aligement multiple des séquences par la méthode Clustalw.

Création de la base de données:

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

On a commencé par crée trois tables, chaque table représente les gènes de résistance de certain maladie avec leurs informations:

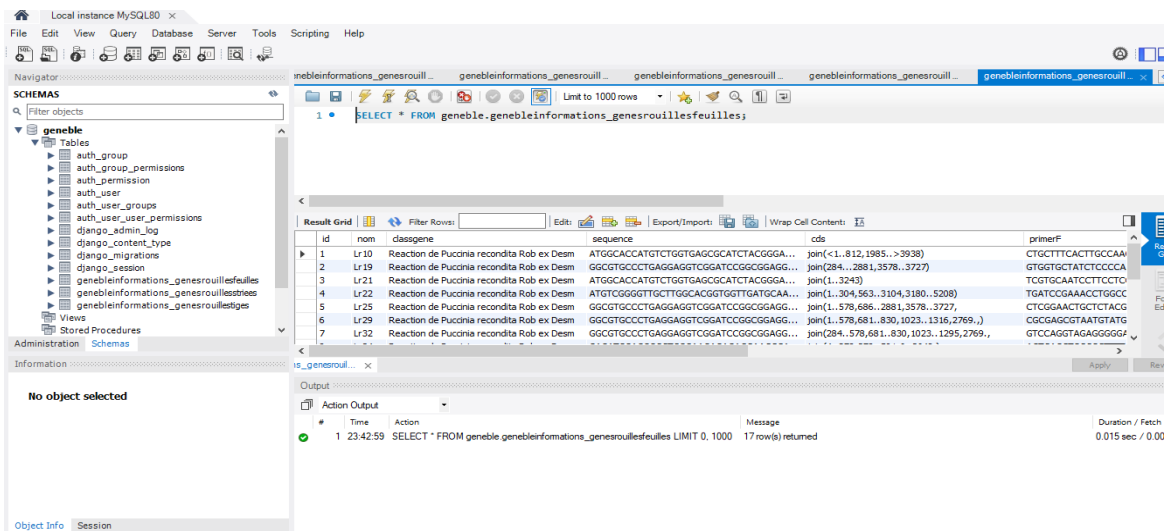


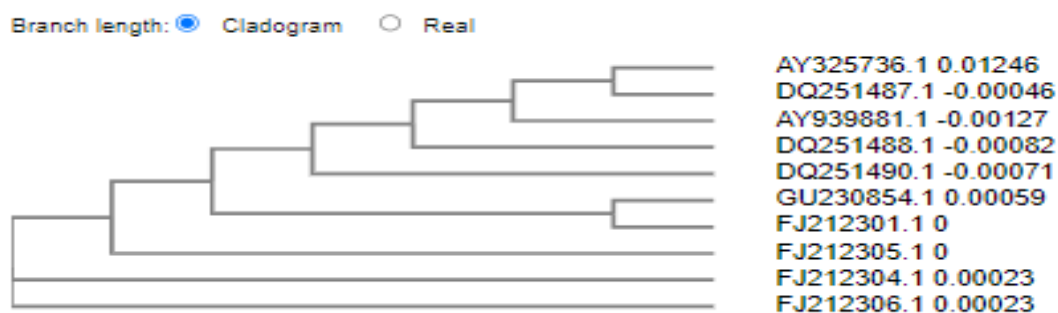
Figure 27: Les tables de la base de données.

***Chapitre 03 :***  
***Résultats et discussion***

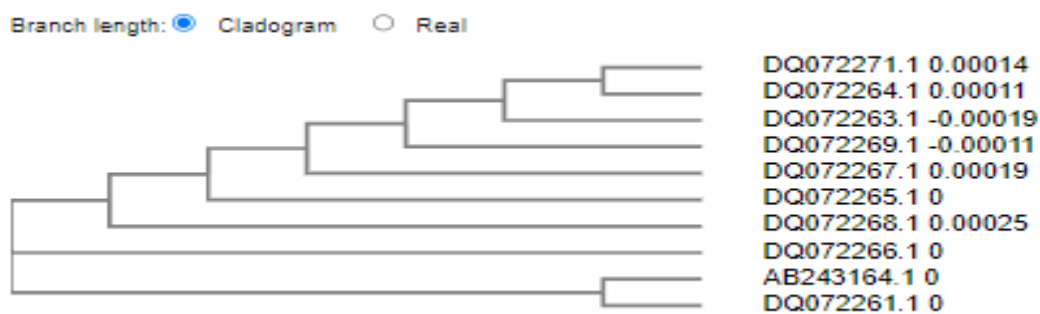
## Résultat:

### 1 Arbre phylogénétique :

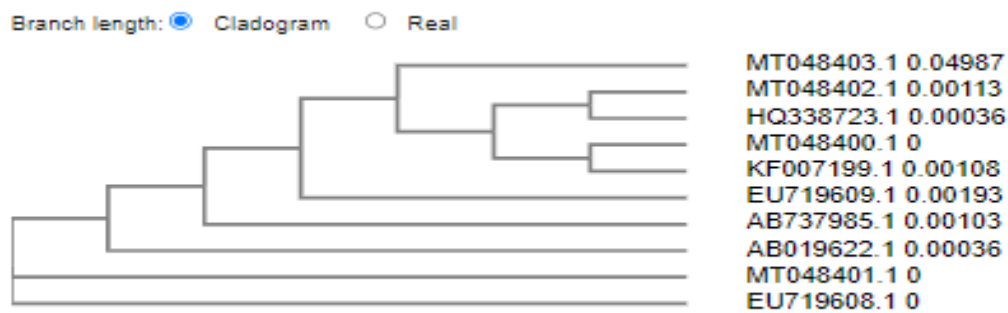
Le traitement des données de l'expression , des 30 gènes choisis, par le logiciel Clustal Omega nous a permis d'obtenir le résultat suivant :



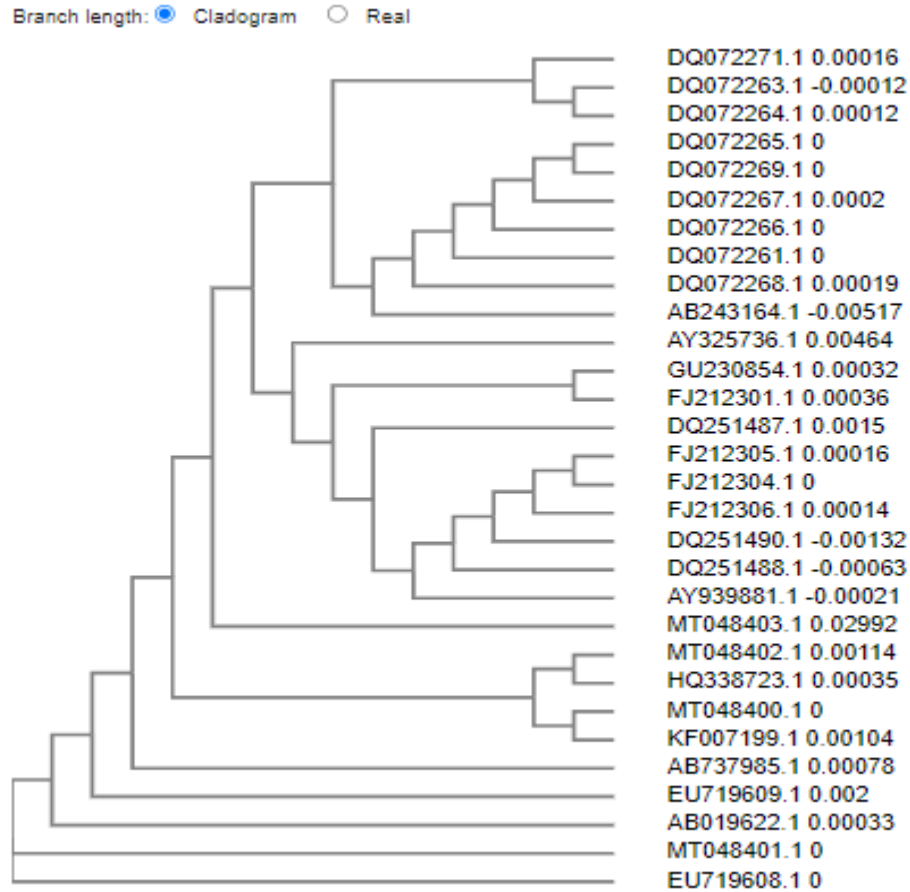
**Figure28:** arbre phélogénitique des genes Lr



**Figure29:** arbre phélogénitique des genes Yr



**Figure30:** arbre phélogénitique des genes Sr



**Figure 31:** Arbre phylogénétique des genes de triticum aestivum.

L'arbre phylogénétique c'est une représentation schématique et buissonnante, permettant de mettre en avant une parenté entre espèces ou groupes des espèces.

Dans cet arbre phylogénétique il y a 30 gènes de triticum aestivum, ces gènes sont regroupés entre eux par des clades et se sont divisés en groupes.

Nom	Gene ID	Description
<i>Lr Triticum aestivum</i>	AY325736.1	Powdery mildew resistance protein PM3b
<i>Lr Triticum aestivum</i>	DQ251490.1	Cultivar Chinese Spring powdery mildew resistance protein PM3CS
<i>Lr Triticum aestivum</i>	AY939881.1	Powdery mildew resistance protein PM3D
<i>Lr Triticum aestivum</i>	GU230854.1	Pm3
<i>Lr Triticum aestivum</i>	FJ212306.1	Voucher IG42281 powdery mildew



		resistance protein PM3
Lr <i>Triticum aestivum</i>	FJ212305.1	Voucher IG41606 powdery mildew resistance protein PM3
Lr <i>Triticum aestivum</i>	FJ212304.1	Voucher AUS13636 powdery mildew resistance protein PM3
Lr <i>Triticum aestivum</i>	FJ212301.1	Voucher IG42255 powdery mildew resistance protein PM3
Lr <i>Triticum aestivum</i>	DQ251488.1	Cultivar W150 powdery mildew resistance protein PM3E
Lr <i>Triticum aestivum</i>	DQ251487.1	Cultivar Triticale/8Chancellor powdery mildew resistance protein PM3C
Yr <i>Triticum aestivum</i>	AB243164.1	ALMT1-2 gene for aluminum-activated malate transporter
Yr <i>Triticum aestivum</i>	DQ072261.1	Cultivar ES8 ALTM1
Yr <i>Triticum aestivum</i>	DQ072266.1	Cultivar Janz ALTM1
Yr <i>Triticum aestivum</i>	DQ072269.1	Cultivar Sunco ALTM1
Yr <i>Triticum aestivum</i>	DQ072268.1	Cultivar Spica ALTM1
Yr <i>Triticum aestivum</i>	DQ072267.1	Cultivar Mariga ALTM1
Yr <i>Triticum aestivum</i>	DQ072265.1	Cultivar Halberd ALTM1
Yr <i>Triticum aestivum</i>	DQ072263.1	Cultivar Cranbrook ALTM1
Yr <i>Triticum aestivum</i>	DQ072264.1	Cultivar Empraba ALTM1
Yr <i>Aegilops</i>	DQ072271.1	Tauschi ecotype AUS18913 ALTM1
Sr <i>Triticum aestivum</i>	AB737985.1	Wx-A1 gene for waxy protein
Sr <i>Triticum aestivum</i>	AB019622.1	Gene fpr starch synthase
Sr <i>Triticum aestivum</i>	MT048401.1	Voucher BGE011877 granule-bound starch synthase I (Wx-A1) gene
Sr <i>Triticum aestivum</i>	EU719608.1	Wx (Wx-A1) gene
Sr <i>Triticum aestivum</i>	MT048400.1	Voucher BG008218 granule-bound starch synthase
Sr <i>Triticum aestivum</i>	KF007199.1	Cultivar XN9872 waxy-A gene
Sr <i>Triticum aestivum</i>	MT048402.1	Voucher BGE013163 granule-bound starch synthase I (Wx-A1) gene
Sr <i>Triticum aestivum</i>	EU719609.1	Wx-1A null allele
Sr <i>Triticum aestivum</i>	HQ338723.1	Subsp spelta voucher PI-348458

		waxy A1 gene
<i>Sr Triticum aestivum</i>	MT048403.1	Voucher BGE011889

**Tableau 03:** Identification et description des gènes résistance (Lr, Yr et Sr)

**Le niveau 01:** il y a 3 groupes:

Dans le premier groupe il y 28 gènes (tout les genes sauf MT048401.1 et EU719608.1) .

Dans le deuxième groupe il y a un seul gène est MT048401.1

Dans le troisième groupe il y a un seul gène aussi EU719608.1

**Le niveau 02:** il y a deux groups:

dans la premier groupe il y a un seul gene EU719609.1

Et la deuxième groupe 25 gènes.

**Le niveau 3:** Il y a deux groupes:

Dans la premier groupe il y a 4 gènes MT048403.1, HQ338723.1, MT048402.1 et KF007199.1 .

Et la deuxième groupe 11 gènes

**Le niveau 04:** il y a 2 groupes:

dans la premier groupe il y a un seul gène MT048403.1 Et la deuxième il ya 15 gènes. DQ072271.1, DQ072263.1, DQ072264.1, DQ072265.1, DQ072269.1, DQ072267.1, DQ072266.1, DQ072261.1, DQ072268.1, AB243164.1, AY325736.1, GU230854.1, FJ212301.1, DQ251487.1, FJ212305.1, FJ212304.1, FJ212306.1, DQ251490.1, DQ251488.1, AY939881.1.



## 2 L'application web:

D'après cette recherche et analyse on faisait un application web pour les maladies chez blé .

On cette application contient toutes les informations concernant pour chaque maladie qui concerne le blé dans cette application 4 page principales :

La premier : 'accueil' contient le nom de l'application gène blé et le bouton commencer.

file:///C:/Users/abir/Desktop/charisafa/application.html

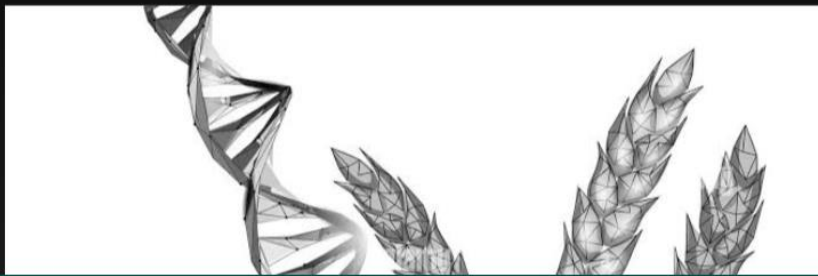


**Figure 32:** Interface application web.

La deuxième : 'Apropos', qui explique a quoi sa sert cette application.

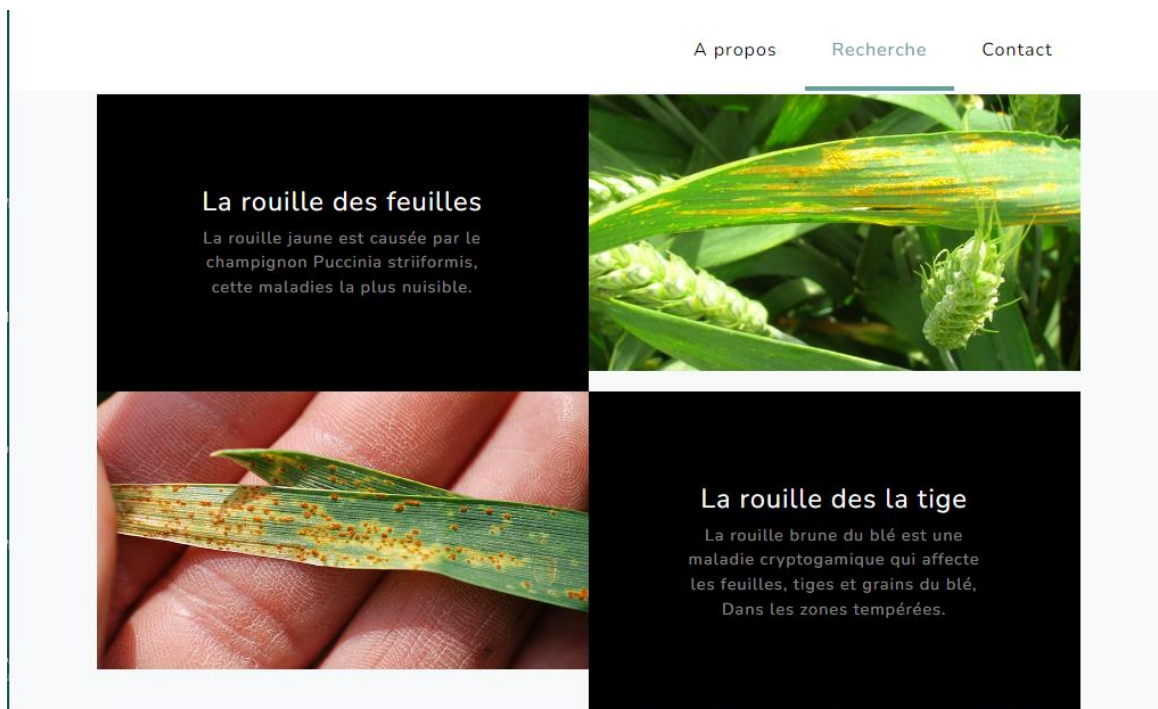
## A propos

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



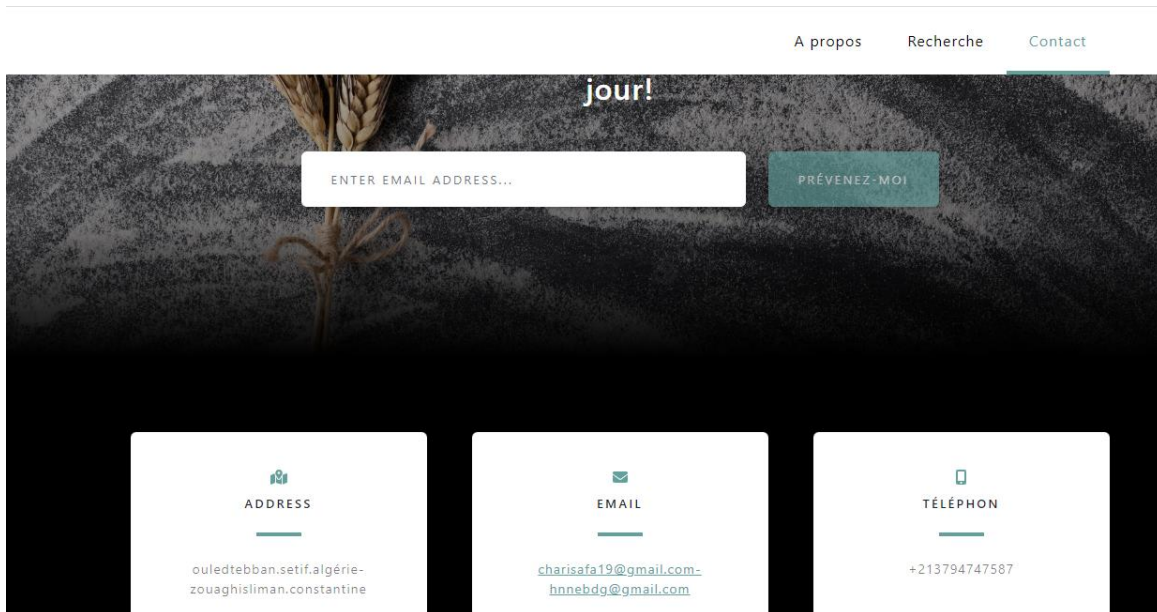
**Figure 33** : Interface des protocoles

La troisième interface recherche contient les 3 types des maladies



**Figure 34** : Interface des rouilles.

Et la quatrième contient nos informations personnelles.



**Figure 35 :** interface pour le contact.

## **Discussion :**

L'objectif de ce travail consiste à l'identification des gènes candidats impliqués dans la résistance multiple aux maladies du blé par analyse d'expression *in silico*.

Dans le cadre de ce travail, nous avons examiné les gènes de *triticum aestivum* grâce à diverses bases de données et la banque de données comme GRAINGENE, MASwheat, GENBANK.

On a tracé un arbre phylogénétique par le logiciel Clustal Omega de 30 gènes qui sont regroupés dans plusieurs clades et définies également des rôles différents de ces gènes.

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

Nous avons extrait les gènes et les marqueurs CDS, séquences, les amorces, locus, grâce à diverses bases de données et les banques de données comme MIGRAW, MasWheat, GENBANK et Primer 3. Par rapport à la base de données en mysql workbench on a choisi des gènes pour chaque maladie et rempli et relié les tableaux avec le site web.

## **Conclusion :**

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

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

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

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

De ce fait, il est important de reconnaître les gènes de résistance de chaque maladie .

Pour cela nous avons identifié les gènes candidats de résistance aux ces maladies et réalisé une base de donnée avec une application web (Geneblé) contient des informations concernant les gènes qui permet aux chercheurs dans le domaine du végétal d'extraire plus facilement toutes ces informations.



## Références :

- Alam M.S., Nesa M.N., Khan S.K., Hossaim M.B. And Hoque A.( 2007).Varietal Differences On Yield Contributing Characters Of Wheat Under Diffirent Levels Of Nitrogen And Planting Methods. Journale Of Applied Sciences Research, 3(11) : 1388\_1392.
- Aouali S. And Douici-Khalfi A. (2009). Recueil Des Principales Maladies Fongiques Des Cereales En Algerie : Symptomes, Developpement Et Moyens De Lutte ; Itgc, El Harrach, Alger. P56.
- Aouali, S. et Douici-Khalfi A. 2009:Recueil des principales maladies fongiques des céréales en Algérie. ITGC. pp. 10–25.
- Amrani B. (2013) .Maladie : Methode Et Echelle De Notation Des Maladies Et Accidents Divers. Bulletin Des Grandes Cultures. Itgc. 02. P5.
- Alfredo M, Jeremy K, John Y, James B. Identification And Control Of Powdery Mildew Of Wheat In Georgia.2014.N°2.
- Boufelfel I, Selmani R. (2016). L'effet De Quatre Traitement De Semence Sur Le Ble Tendre (Variete Mawna).Memoire De Master. Universite 8 Mai 1945 Guelma.P17
- .( [www.zdnet.fr](http://www.zdnet.fr))
- Bayer-Agri.Fr. (2020).Pietin-Verse Du Ble Tendre Et De L'orge .  
<https://www.bayeragri.fr/cultures/pietin-verse>
- Basf. (2019). Le pietin verse du blé .  
[https://www.agro.basf.fr/fr/cultures/ble/maladies\\_du\\_ble/pietin\\_verse\\_du\\_ble/](https://www.agro.basf.fr/fr/cultures/ble/maladies_du_ble/pietin_verse_du_ble/)
- Bouakaz K. Et Oussaid Y. (2013). Reconnaissances Et Identification Des Principales Maladies Cryptogamiques Du Ble Et De L'orge, Institut National De La Protection Des Vegetaux, P 31.
- Boudjemai Imane. (2020). Impact Des Maladies Foliaire Sur La Production Des Cereales Dans La Region De Tlemcen.Memoire De Master. Universite De Tlemcen.P36.
- 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 Lechikh.Memoire De Master. Universite Djillali Bounama Khemis-Miliana.P15.

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.

Basf. (2018). La Septoriose Du Ble : Tache Foliaire. [https://www.agro.basf.fr/fr/cultures/ble/maladies\\_du\\_ble/septoriose\\_du\\_ble\\_tache\\_foliaire/](https://www.agro.basf.fr/fr/cultures/ble/maladies_du_ble/septoriose_du_ble_tache_foliaire/)

Basf. (2019). La Rouille Jaune Du Ble. [https://www.agro.basf.fr/fr/cultures/ble/maladies\\_du\\_ble/rouille\\_jaune\\_du\\_ble](https://www.agro.basf.fr/fr/cultures/ble/maladies_du_ble/rouille_jaune_du_ble)

Basf. (2019). Les Maladies Du Ble. [https://www.agro.basf.fr/fr/cultures/ble/maladies\\_du\\_ble/](https://www.agro.basf.fr/fr/cultures/ble/maladies_du_ble/)

Basf. (2019). L'oïdium Du Ble. [https://www.agro.basf.fr/fr/cultures/ble/maladies\\_du\\_ble/oidium\\_du\\_ble/](https://www.agro.basf.fr/fr/cultures/ble/maladies_du_ble/oidium_du_ble/)

Bayer-Agri.Fr. (2020). La Carie Du Ble : Une Maladie De La Semence En Recrudescence. [https://www.bayer-agri.fr/cultures/la-carie-du-ble-une-maladie-de-la-semence-en-recrudescence\\_3966/](https://www.bayer-agri.fr/cultures/la-carie-du-ble-une-maladie-de-la-semence-en-recrudescence_3966/).

Bayer-Agri.Fr. (2020). Pietin-Verse Du Ble Tendre Et De L'orge . <https://www.bayeragri.fr/cultures/pietin-verse>

Slama A ben salem M., Ben Naceur M. et Zid E.D. (2005). Les céréales en tunisie : production, effet de la sécheresse et mécanismes de résistance . Institut national de la recherche agronomique de Tunisie (Inrat). Univ. Elmanar. Tunisie.

. 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.

Dubois G Flodrops F., 1987 . la protection de semence. AGRI-NAHAN, . 96p

Laffont J., 1985a. les maladies des céréales et du maïs. AGRI6NAHAN. P4-51

Eyal Z., Scharen A.L , Perscott J.M., and M. VanGinel. 1987. The septoria diseases of wheat : concepts and methods of diseases management. Mexico, D.F/ CIMMYT, 52 pages

Yara france : <https://www.yara.fr/fertilisation/solution-pour-cultures/ble/histoire-developement-culture-ble/>

Lopes M. S., Reynolds M. P., Jalal-kamali M. R., Moussa K. S., Feltaous M. Y., Tahir K.S.A., Barma N., Vargas, Mannes M. Y. & Baum M. (2012). The yield correlations of selectable Physiological traits in a population of advanced spring wheat lines grown in warm and drought environment. *Field Crops Research* 128, 129-136

Lepoivre, P., (2003): phytopathologie : base moléculaire et biologiques des pathosystèmes et fondement des stratégies de lutte, Édition: les presses agronomiques de GEMBLOUX:291-292.

Xiaojie C., Donghong M., Tauqeer A.Y. & Yin-Gang H. (2012). Evaluation of 14 morphological, yield-related and physiological traits as indicators of drought tolerance in Chinese winter bread Wheat revealed by analysis of the membership functions value of drought tolerance (MFVD). *Field Crops Research* 137, 195-201

El Hadj Hammiche, F. (2013). Problematique. 1er Workshop International Sur La Fusariose Des Cereales En Algerie. Inpv Institut National De La Protection Des Vegetaux syngenta.

Sahri S, Tabbakh I. (2019). L'étude Des Champignons Phyto-Pathogènes Du Ble Tendre ( *Triticum Aestivum* ) De La Région De Bordj Bou Arreridj. Mémoire De Master. Université Mohamed El Bachir El Ibrahimi B.B.A.

نو عريريج برج. P18.

Gambaro Sophie. Lutte Contre La Carie Commune Du Ble : Quelles Pistes En Agriculture Biologique ? 2017. P2

Boudjemai Imane. (2020). Impact Des Maladies Foliaire Sur La Production Des Cereales Dans La Région De Tlemcen. Mémoire De Master. Université De Tlemcen. P36

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.

Boulif., (2012). Gestion Intégrée Des Maladies Du Ble, Ecole Nationale D'agriculture De Meknes B.P. S/40 – Meknes. P12

El Yousfi Brahim. (2015). Guides Du Diagnostic Des Principales Maladies Des Cereales D'automne Au Maroc, Inra Crra De Settat-Laboratoire De Phytopathologie.

(<http://www.cereales.be>).

Nasraoui B. ( 2006.). Les Champignons Parasites Des Plantes Cultivees, Biologie, Systematique, Pathologie, Maladies. Chapitre 4 : Maladies. 363-427. Centre De Publication Universitaire, Tunis.

Fu B., Chen Y., Li N., Ma H., Kong Z., Zhang L., Jia H. And Ma Z. (2013). Pmx: A Recessive Powdery Mildew Resistance Gene At The Pm4 Locus Identified In Wheat Landrace Xiaohongpi. Theoretical And Applied Genetics 126 (4) : 913–921.

Techno-Science.net :[https://www.techno-science.net/glossaire-definition/Bio-informatique.html#ref\\_1](https://www.techno-science.net/glossaire-definition/Bio-informatique.html#ref_1)