

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 1
Frères Mentouri Constantine I University
Université Frères Mentouri Constantine I

Université Frères Mentouri Constantine 1

Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie

Département de Appliquée

Biologie

جامعة الاخوة منتوري قسنطينة 1

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 :

**Analyse *in silico* des gènes impliqués dans la
résistance multiple aux rouilles du blé
(*Triticum aestivum* L.).**

Présenté par : CHARI Safa

BOUDEMAGH Hanane

Le 19/06/2023

Jury d'évaluation :

Président : Dr. DAAS M. S. M.C.A.

Univ. Frères Mentouri Constantine 1

Encadrant : Dr. KELLOU K. M.A.A.

Univ. Frères Mentouri Constantine 1

Examineur : Dr. TEMAGOULT M. M.A.A.

Univ. Frères Mentouri Constantine 1

Année universitaire
2022-2023

Remerciements

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

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 **Dr. DAAS Mohamed Skander** et **Dr. TEMAGOULT Mahmoud** pour avoir accepté d'examiner et d'évaluer notre travail de fin d'étude de master.

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 El Chrif.

Mon père et ma mère mes tantes (Warda) et (Ghania) les personnes les plus chères à mon
cœur qui m'ont aidé et encouragé.

Mes amis, Abir Daalouche, Hadjer Benhedjaz et Chourouk Bouarour qui ont toujours été
à côté de moi.

Mon binôme Hannen Boudemagh, merci pour tous les souvenirs et les moments que nous
avons passés ensemble.

SAFA

Je dédie cet ouvrage

A ma mère qui m'a soutenue et encouragée durant ces années d'études. Qu'elle trouve ici
le témoignage de ma profonde reconnaissance.

A mon père, mes frères, mes grands parents et Ceux qui ont partagé avec moi tous les
moments d'émotion lors de la réalisation de ce travail.

Ils m'ont chaleureusement supporté et encouragé tout au long de mon parcours.

A tous mes amis qui m'ont toujours encouragé, et à qui je souhaite plus de succès.

MERCI A tous.

HANNEN

Analyse *in silico* des gènes impliqués dans la résistance multiple aux rouilles du blé (*Triticum aestivum* L.).

Résumé :

Le blé est une plante stratégique d'intérêt agro-économique crucial. Il peut être attaqué par plusieurs maladies au niveau des racines, des tiges et des feuilles. Les maladies fongiques telles que les rouilles peuvent être à l'origine de pertes de rendement importantes, difficiles à apprécier. L'utilisation de variétés résistantes est un moyen de contrôle efficace à considération aussi bien écologique qu'économique. Elle constitue l'une des principales techniques de lutte et demeure une composante essentielle pour la plupart des programmes de sélection. Actuellement, il est possible de développer une approche bioinformatique (ou *in silico*) pour la recherche de gènes de résistance multiple aux rouilles du blé (*Triticum aestivum* L.). C'est pour cet objectif que nous nous sommes intéressés dans ce travail à la conception d'une base de données regroupant l'ensemble de gènes de résistance connus et identifiés sur le génome du blé, publié récemment, afin de la mettre à la disposition des sélectionneurs du blé. Cette base de données (*Gèneblé*) nous a permis d'identifier des gènes impliqués dans la résistance multiple aux rouilles et de mettre à la disposition des chercheurs la possibilité d'exploiter plus facilement les informations liées à ces gènes de résistance.

Mots clés : Blé, *Triticum aestivum*, rouilles, gènes de résistance, base de données et *in silico*.

***In silico* analysis of genes involved in multiple rust resistance in wheat
(*Triticum aestivum* L.).**

Abstract:

Wheat is a strategic plant of crucial agro-economic interest. Several diseases at the roots, stems and leaves can attack it. Fungal diseases such as rusts can cause significant yield losses, which are difficult to assess. The use of resistant varieties is an effective means of control with both ecological and economic considerations. It constitutes one of the main control techniques and remains an essential component for most breeding programs. Currently, it is possible to develop a bioinformatics (or *in silico*) approach for the search for multiple resistance genes to wheat rusts (*Triticum aestivum* L.). It is for this objective that we were interested in this work in the design of a database bringing together all of the resistance genes known and identified in the wheat genome, published recently, in order to make it available wheat breeders. This database (Gèneblé) allowed us to identify genes involved in multiple rust resistance and to provide researchers with the possibility of more easily exploiting the information linked to these resistance genes.

Key words: Wheat, *Triticum aestivum*, rusts, resistance genes, database and *in silico*.

تحليل *in silico* للجينات المساهمة في المقاومة المتعددة للصدأ في القمح (*Triticum aestivum* L).

ملخص:

يعد القمح نباتًا استراتيجيًا ذا أهمية اقتصادية زراعية حاسمة. حيث يمكنه أن يتعرض للهجوم من قبل العديد من الأمراض في الجذور والسيقان والأوراق. إن الأمراض الفطرية مثل الصدأ يمكن أن تسبب خسائر كبيرة في المحصول، والتي يصعب تقييمها. إذ يعتبر استخدام الأصناف المقاومة وسيلة فعالة للمكافحة ضد الأمراض مع مراعاة الاعتبارات البيئية والاقتصادية. وهو يشكل إحدى تقنيات مكافحة الرئيسية ويظل عنصرًا أساسيًا في معظم برامج الانتخاب النوعي. وأصبح من الممكن حاليًا باستعمال المعلوماتية الحيوية (أو بطريقة *in silico*) البحث عن جينات المقاومة المتعددة لصدأ القمح (*Triticum aestivum* L). ولتحقيق هذا الهدف، اهتمنا من خلال هذا العمل بتصميم قاعدة بيانات تجمع كل جينات المقاومة المعروفة والمحددة في جينوم القمح، والتي تم نشرها مؤخرًا، من أجل إتاحتها لمربي القمح. أتاحت لنا قاعدة البيانات هذه (Gèneblé) تحديد الجينات المساهمة في مقاومة الصدأ المتعددة وتزويد الباحثين بإمكانية استغلال المعلومات المرتبطة بجينات المقاومة هذه بسهولة أكبر.

الكلمات المفتاحية: القمح، *Triticum aestivum*، الصدأ، جينات المقاومة، قاعدة البيانات و *in silico*.

Sommaire

INTRODUCTION.....	1
Chapitre 01 : Revue Bibliographique	
1 Généralités sur le blé.....	2
1.1 Historique et origine du blé.....	2
1.2 Le génome du blé.....	3
1.3 Historique séquençage du génome du blé.....	5
1.3.1 Les outils de séquençage de génome du blé.....	6
1.4 Importance de blé.....	8
1.4.1 Dans le monde.....	8
1.4.2 En Algérie.....	8
2 Les maladies fongiques du blé.....	9
2.1 Maladies du pied.....	10
2.1.1 Piétin verse (<i>Phaeosphaeria herpotrichoides</i>).....	10
2.1.2 Piétin échaudage.....	11
2.1.3 Rhizoctone.....	12
3 Les agents pathogènes des maladies.....	13
3.1 Maladies transmises par les semences.....	13
3.1.1 Carie commune.....	13
3.1.2 Charbon nu.....	15
3.1.3 Fusarioses de l'épi.....	15
3.1.4 Septoriose de l'épi.....	16
3.2 Maladies foliaires.....	17
3.2.1 Tache bronzée.....	17
3.2.2 Oïdium.....	18
3.2.3 Septoriose foliaire.....	19
3.2.4 Rouilles.....	19
4 Résistance à la rouille du blé.....	24
4.1 La lutte chimique.....	24
4.2 La méthode biologique.....	25
4.3 La résistance génétique.....	25
5 La bioinformatique.....	25
5.1 Généralités et objectif de la bioinformatique.....	25
5.2 Technologie web.....	26
5.3 Technologies front end.....	26

5.4 Technologies back end.....	27
Chapitre 02 : Matériel et Méthodes	
1. Matériel.....	28
2. Méthodes	29
3. Prétraitement de données.....	34
4. Création de la base de données.....	35
Chapitre 03 : Résultats et Discussion	
I. Résultats.....	36
I.1. Arbres phylogénétiques.....	36
I.2. L'Application Web.....	40
II. Discussion.....	43
CONCLUSION	44
Références Bibliographiques	45

Liste des figures

Figure 1 : Développement du blé.....	03
Figure 2 : Diagramme schématique des relations entre les génomes du blé avec l’histoire et la généalogie de la polyploïdisation	04
Figure 3 : Organisation du génome du blé hexaploïde.....	05
Figure 4 : Schéma de développement de différentes maladies durant tout le Cycle végétatif du blé	10
Figure 5 : Symptômes du piétin –vers	11
Figure 6 : Pourriture du piétin échaudage	12
Figure 7 : Symptômes du Rhizoctone	13
Figure 8 : Infestation de la Carie commune	14
Figure 9 : Charbon nu chez le blé	15
Figure 10 : Fusariose de l’épi du blé	16
Figure 11 : Septoriose de l’épi du blé	17
Figure 12 : Tache bronzée du blé	17
Figure 13 : Oïdium du blé.....	18
Figure 14 : Septoriose du blé	19
Figure 15 : La rouille jaune chez le b lé	20
Figure 16 : La rouille brune chez le blé.....	22
Figure 17 : La rouille noire du blé	23
Figure 18 : Interface de MIGREW	29
Figure 19 : Liste des protocoles disponibles sur MASWheat	30
Figure 20 : Exemple de recherche du gène <i>Sr22</i> sur GENBANK	31
Figure 21 : Exemple d’une séquence de gène <i>Lr19</i>	31
Figure 22 : Interface de la base de données GrainGenes	32
Figure 23 : Exemple des Conditions d’amplification par PCR de gene <i>Lr19</i>	33
Figure 24 : Interface de Primer3 Output	33
Figure 25 : Interface graphique du programme Clustal Omega	34
Figure 26 : Alignement multiple des séquences par la méthode Clustalw	35
Figure 27 : Les tables de la base de données	35
Figure 28 : Arbre phylogénétique des gènes <i>Lr</i>	36
Figure 29 : Arbre phylogénétique des gènes <i>Yr</i>	36
Figure 30 : Arbre phylogénétique des gènes <i>Sr</i>	37

Figure 31 : Arbre phylogénétique des 30 gènes de <i>Triticum aestivum</i>	38
Figure 32 : Interface application web	40
Figure 33 : Interface des protocoles	41
Figure 34 : Interface des rouilles	41
Figure 33 : Interface pour le contact	42

Liste des tableaux

Tableau 01 : Stock de blé en million de ton	09
Tableau 02 : Les agents pathogènes des maladies	14
Tableau 03 : Identification et description des gènes de résistance à la rouille des feuilles..	36
Tableau 04 : Identification et description des gènes de résistance à la rouille jaune	37
Tableau 05 : Identification et description des gènes de résistance à la rouille strillée	37

INTRODUCTION

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 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 Russie étant parmi les pays les plus productifs. (FAOSTAT, 2023) et la production de blé tendre en Afrique est estimée à 27.4 MT et celle de blé dur à 4.3 MT, tout le long de la campagne 2023 – 2024, le continent importerait 56.4 MT de blé tendre et 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, telles que les rouilles, causent des pertes de rendement pouvant atteindre 30 % en cas de développement épidémique (Eyal et *al.*, 1987).

Cependant, la gestion des données génétiques par la bioinformatique constitue une approche moléculaire précieuse pour la recherche des gènes de résistance vis-à-vis les stress biotiques et abiotiques chez le blé (*Triticum aestivum* L.). L'objectif de cette étude est de mettre à la disposition des sélectionneurs du blé une base de données regroupant l'ensemble de gènes de résistance connus et identifiés sur le génome du blé qui est récemment publié.

Chapitre 01 :
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.

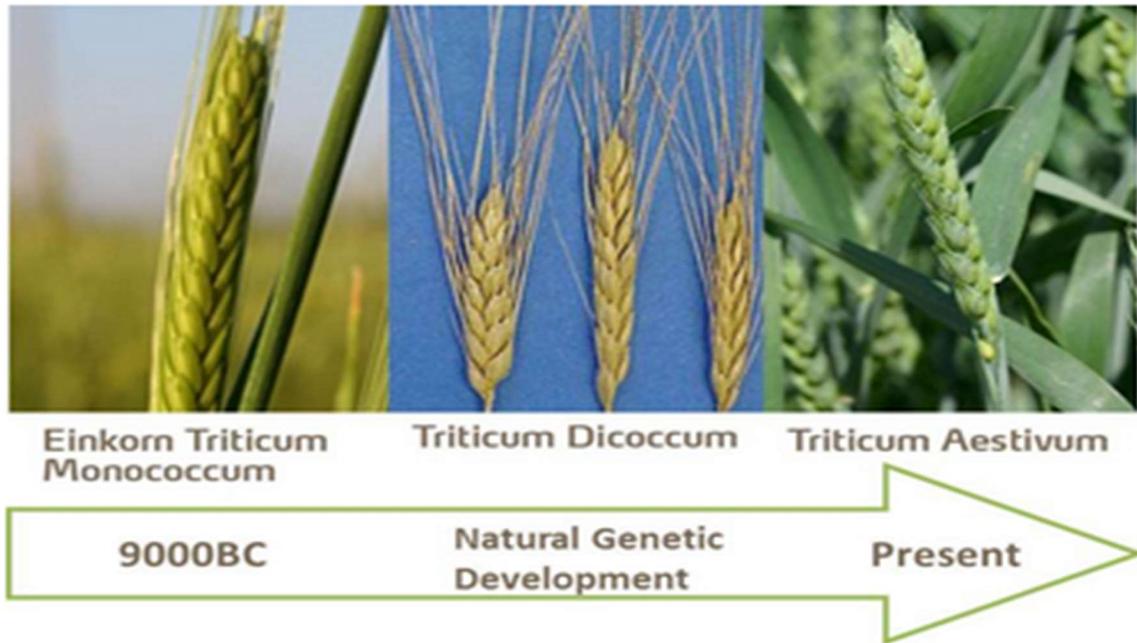


Figure 1 : Développement du blé

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).

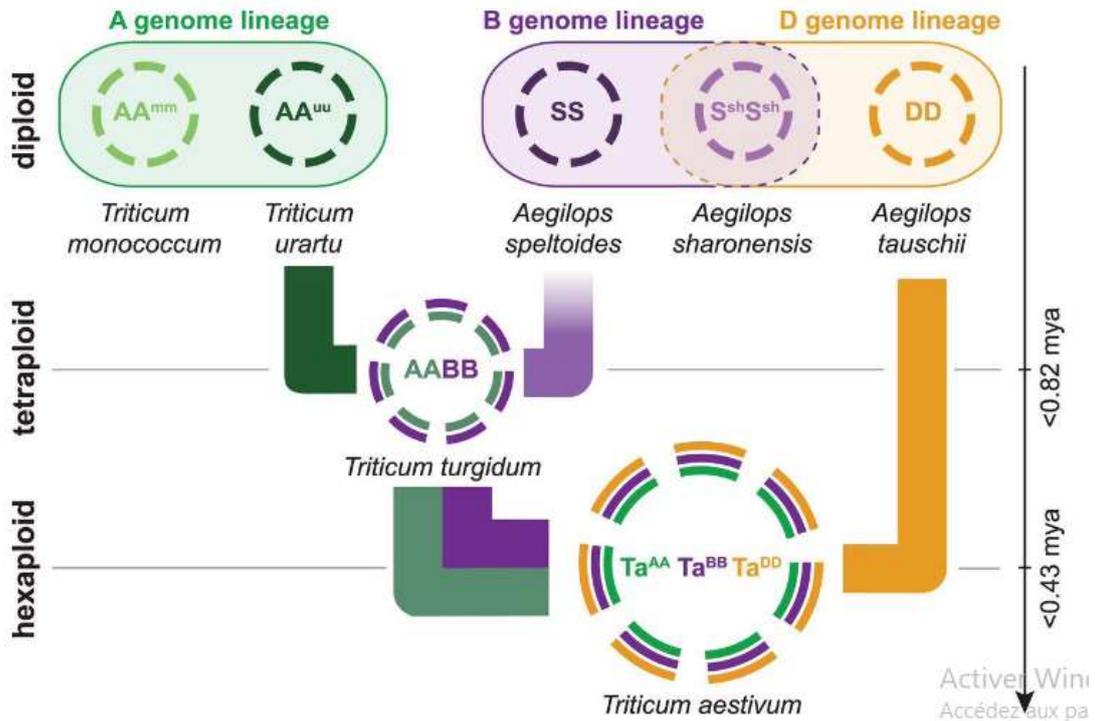


Figure 2 : Diagramme schématique des relations entre les génomes du blé avec l’histoire et la généalogie de la polyploïdisation (Mayer et *al.*, 2014).

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).

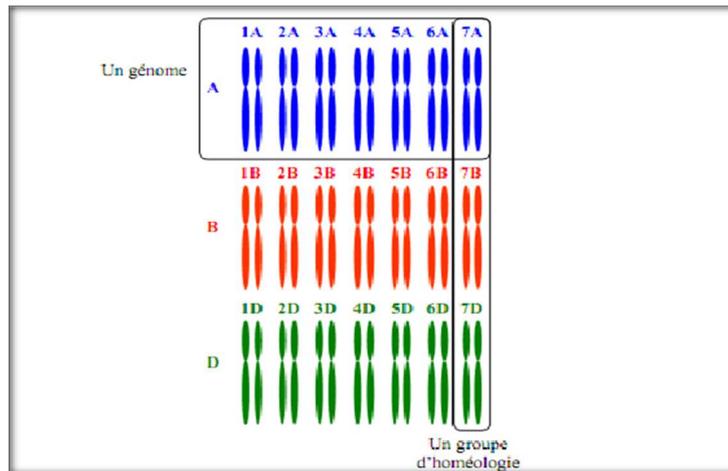


Figure 3 : Organisation du génome du blé hexaploïde. (Bogard 2011)

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

Le 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 séquencé simultanément 8452 chromosomes artificiels de blé, et ont fournira des informations sur la cartographie physique et génétique des marqueurs et avoir accès aux données de séquençage du génome entier. Il est estimé que la taille du chromosome 3B à être environ 886 Mb et ont utilisé la séquence de référence du chromosome 3B afin de mieux comprendre le rôle des duplications dans l'évolution du génome du blé. Ils ont décrypté le 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 ilsq ont 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 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 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.

Tableau 01 : Stock de blé en million de ton (FAO, 2022).

Année	2017	2018	2019	2020	2021	2022
Pays						
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

2 Les maladies fongiques 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. (Payeragr.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'établit 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).

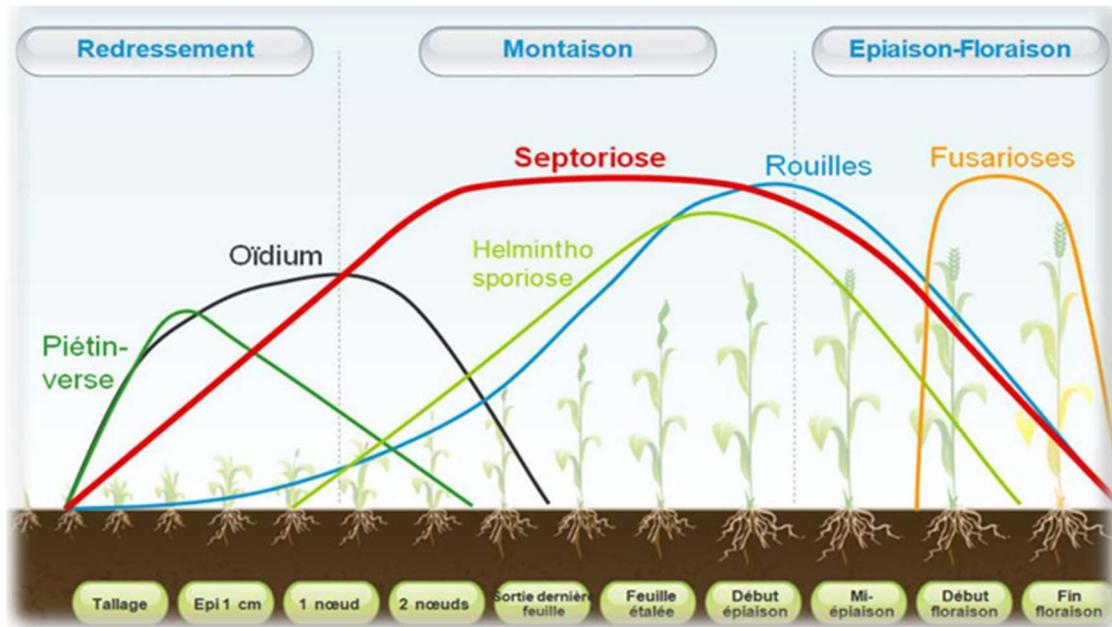


Figure 4 : Schéma de développement de différentes maladies durant tout le Cycle végétatif du blé (Anonyme, 2011).

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).

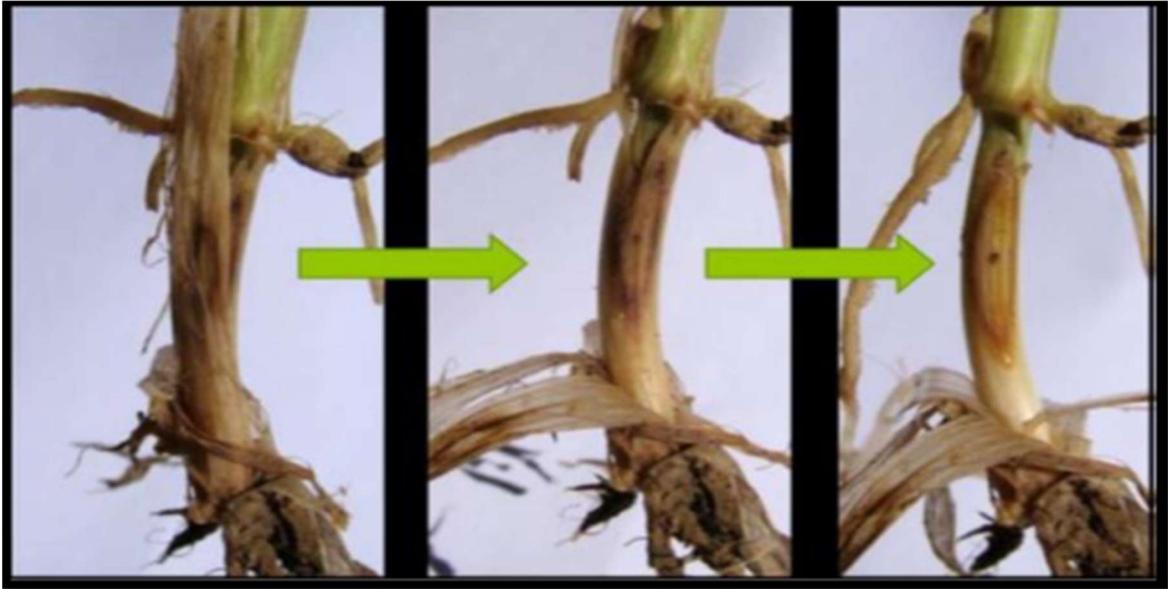


Figure 5 : Symptômes du piétin –verse

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. (Figure 5). 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.

○ **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 épisaison, les épis des plantes infectées mûrissent prématurément et deviennent blancs donnant un aspect de foyers blancs dispersés dans la culture au champ. Ces épis sont stériles ou produisent des grains échaudés de faible pouvoir germinatif.



Figure 6 : Pourriture du piétin échaudage (Syn.gente)

2.1.3 Rhizoctone

Rhizoctonia ceralis 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.

○ **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 : Symptômes du Rhizoctone (terre.net)

3 Les agents pathogènes des maladies

3.1 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).

3.1.1 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 de la 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).



Figure 8 : Infestation de la carie commune (jshweitzer.fr)

Tableau 02 : Les agents pathogènes des maladies.

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

3.1.2 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).



Figure 9 : Charbon nu chez le blé (bretagne.synagri.com)

3.1.3 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).

○ **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).



Figure 10 : Fusariose de l'épi du blé (aravalis_infos.fr).

3.1.4 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).

○ **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).



Figure 11 : Septoriose de l'épi du blé (agrifind.fr)

3.2 Maladies foliaire

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

3.2.1 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).



Figure 12 : Tache bronzée du blé (semencemga.fr).

3.2.2 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 de l'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).

3.2.3 Septoriose 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 la Septoriose 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 (Benslimane, 2011).



Figure 14 : Septoriose du blé (Adama agricultural solution)

3.2.4 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).

3.2.4.1 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 chez le blé (agro.basf.fr).

o 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°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°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 achevé en sept jours dans des conditions idéales et se répéter de nombreuses fois en une saison. (agro.basf.fr)

3.2.4.2 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 la 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 chez le blé (agro.basf.dr)

o **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).

3.2.4.3 Rouille noire ou rouille de la tige

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

o **Les symptômes de la rouille noire ou de la 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'indique l'appellation) et allongées qui apparaissent surtout sur les tiges et un peu moins sur les feuilles, mais peuvent atteindre même les épis. Lorsque l'attaque est forte, les pustules deviennent coalescentes. Ces pustules correspondent à des uréides libérant des urédospores après éclatement de l'épiderme de la plante hôte. Lorsque la plante hôte commence à mûrir, des pustules noires apparaissent, elles correspondent à des télies productrices des téliospores.

Ces dernières sont libérées après éclatement de l'épiderme de la plante hôte (Nasraoui, 2006).



Figure 17 : La rouille noire du blé (agroteh-garant.ru).

○ **Cycle de vie de la rouille noire**

Le champignon développe des téléospores sur le plant du 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).

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 lutte 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 stéroïdes 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 prête dans de jeunes tissus croissants, mais moins de translocation prête 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 résistance 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 procédé à l'identification des gènes de résistance aux rouilles 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).

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). 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, 2001) 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 créer 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 :
Matériel et méthodes

1. Matériel

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

Nous avons utilisé :

Clustal Omega

Un programme informatique d'alignement de séquences multiples utilisé pour aligner trois ou plusieurs séquences biologiques telles que des séquences d'ADN, d'ARN ou de protéines. Et les l'un des outils d'alignement de séquence les plus largement utilisés et est basé 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'oïdium.

L'interface Web MAS Wheat

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

GENBANK

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

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 de gènes liés à la résistance aux maladies fongiques 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 \(nih.gov\)](#)

The image shows a screenshot of the PubMed search results page for the query 'wheat stem rust'. The page header includes the NIH National Library of Medicine logo and a search bar containing the text 'wheat stem rust'. Below the search bar, there are options for 'Advanced', 'Create alert', 'Create RSS', and 'User Guide'. The search results are displayed in a list format, with the first result being 'Wheat Genes Associated with Different Types of Resistance against Stem Rust (Puccinia graminis Pers.)'. The second result is 'Wheat stem rust recorded for the first time in decades in Ireland.'. The page also features a 'RESULTS BY YEAR' chart showing a significant increase in publications starting around 2015 and peaking in 2023. The page is currently on page 1 of 56 results.

Figure 18 : Interface de MIGREW.

- A partir de MASWheat on a choisi une liste de 30 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.

[MASWheat \(ucdavis.edu\)](http://MASWheat.ucdavis.edu)

MASWHEAT
Marker Assisted Selection in Wheat

USDA | NIFA
BGRI
Building Global Food Inflation

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](#)

Recent content

- [Agronomic, Quality and Yield Traits](#)
2 months ago
- [Plant height gene Rht25](#)
2 months ago
- [Polyphenol oxidase \(PPO\) activity](#)
5 months ago
- [WAO1. A candidate gene for spikelet](#)

Figure 19 : Liste des protocoles disponibles sur MASWheat.

- Recherche des séquences de gènes :

Pour la recherche des séquences des gènes choisis liés à la résistance du blé aux rouilles dans la base de données GENBANK.

[GenBank Overview \(nih.gov\)](http://GenBank Overview (nih.gov))

The screenshot shows the GenBank search results for 'Sr22 triticum'. The search bar at the top contains 'Sr22 triticum' and a 'Search' button. Below the search bar, there are several filters and options: 'Species' (Plants (19)), 'Molecule types' (genomic, DNA/RNA (15), mRNA (4)), 'Source databases' (INSDC (GenBank) (19)), 'Sequence Type' (Nucleotide (19)), 'Sequence length' (Custom range...), and 'Release date'. The search results are displayed in a list format, with two items shown. The first item is 'Triticum aestivum cultivar Auqab 2000 wheat stem rust resistance protein (Sr22) mRNA, complete cds' with a length of 2,823 bp linear mRNA and accession number MH546067.1. The second item is 'Triticum aestivum cultivar MaxiPak hypothetical protein (Sr22) mRNA, complete cds' with a length of 2,823 bp linear mRNA and accession number MH512000.1. The interface also includes a 'Send to' dropdown, 'Filters: Manage Filters', 'Results by taxon' (Top Organisms: Triticum monococcum (14), Triticum aestivum (5)), 'Analyze these sequences' (Run BLAST), 'Find related data' (Database: Select), and 'Search details' (Sr22[All Fields] AND).

Figure 20 : Exemple de recherche du gène *Sr22* sur GENBANK

- Nous cherchons la séquence du gène *Lr19* par exemple en format FASTA (CDS et taille) ;

The screenshot shows the GenBank search results for 'Lr19 triticum'. The search bar at the top contains 'Lr19 triticum' and a 'Search' button. Below the search bar, there are several filters and options: 'Species' (Plants (19)), 'Molecule types' (genomic, DNA/RNA (15), mRNA (4)), 'Source databases' (INSDC (GenBank) (19)), 'Sequence Type' (Nucleotide (19)), 'Sequence length' (Custom range...), and 'Release date'. The search results are displayed in a list format, with one item shown: 'Triticum aestivum cultivar Chinese Spring chromosome 4D, IWGSC CS RefSeq v2.1, whole genome shotgun sequence' with a length of 2,823 bp linear mRNA and accession number NC_057805.1. The interface also includes a 'Send to' dropdown, 'Change region shown' (Whole sequence, Selected region), 'Customize view' (Display options: Show reverse complement, Show gap features), 'Analyze this sequence' (Run BLAST, Pick Primers), 'LinkOut to external resources' (Dryad Digital Repository), and 'Recent activity' (Turn Off, Clear).

Figure 21 : Exemple d'une séquence de gène *Lr19*.

- Nous avons procédé à la collecte des données sur les gènes de résistance aux rouilles du blé à partir de plusieurs bases de données :

A l'aide de la base de données <https://wheat.pw.usda.gov/GG3> on a pu recueillir toutes les informations indispensables sur l'ensemble des gènes choisis.

GrainGenes
A Database for Triticeae and Avena

Home GrainGenes Tools Query Data Types Resources Collaborations About Feedback

Query (optional) in Class

GrainGenes Gene Report: Lr21 (Triticum)
[Submit comment/correction]

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* 100:1013.
- 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 la base de données Grain Genes.

- Ainsi, 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/protocols/Lr19

Q1N1PS U.Z.1M1W
 Primer-F 0.4 μM
 Primer-R 0.4 μM
 Taq Polymerase 1U
 Water to 20 μl

PCR conditions:

1. Denaturing step: 94°C, 5 min
2. 35 cycles of: [94°C 30 sec, 56°C 30 sec, 72°C 60 sec]
3. 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 : Exemple des Conditions d’amplification par PCR de gene Lr19.

➤ **Primer3**

A l’aide du logiciel Primer3, nous avons identifié les amorces F et R de chaque séquence de gènes au format FASTA.

Primer3 Input

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

Select the **Task** for primer selection:

Template masking before primer design (available species)

Select species: Nucleotides to mask in 5' direction:
 Primer failure rate cutoff: Nucleotides to mask in 3' direction:

Paste source sequence below (5'→3', string of ACGTNacgtm -- other letters treated as N -- numbers and blanks ignored). FASTA format ok. Please N-out undesirable sequence (vector, ALUs, LINE use a [Mispriming Library \(repeat library\)](#)):

```

ATCTGCACATAGCTGAGATGACTGTGAGGGAACTTTAGACTTCTCAGCCAGTGCCAAGGTGTTGGAAG
AAGACCAAGTAAAGTCTATTGGACAGTCTCACAAGAAATTCATGATCAAAAATAAGTCTTAAATAATCAC
AACATTTGTTGCTCACTAAATTTGTTGCCCAAAGAAATACTCAAGGAGGTGAACACAAAGGAGAGTGTG
GCTGGATCATACTGATCGGACATCGATCTATACATGAAGTAAAAAATCGTGTCTCTATGACTGG
CTGGCATTATCCTTTCTCACTTTACAATTAATAAAAAAACAGACCTGCTTATCTGAGTTACAAGAAAAG
    
```

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)

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

Pair OK Rezion List See manual for help.

Figure 24 : Interface de Primer3 Output.

3. Prétraitement de données

On utilise le logiciel Clustal Omega pour traiter les données des gènes pour pouvoir 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.

EMBL-EBI Services Research Training Industry About us

Clustal Omega

Input form Web services Help & Documentation Bioinformatics Tools FAQ Feedback

Tools > Multiple Sequence Alignment > Clustal Omega

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

Multiple Sequence Alignment

Clustal Omega is a new multiple sequence alignment program that uses seeded guide trees and HMM profile-profile techniques to generate alignments between three or more sequences. For the alignment of two sequences please instead use our [pairwise sequence alignment tools](#).

Important note: This tool can align up to 4000 sequences or a maximum file size of 4 MB.

STEP 1 - Enter your input sequences

Enter or paste a set of
DNA

sequences in any supported format:

Or, upload a file: Aucun fichier choisi

[Use a example sequence](#) | [Clear sequence](#) | [See more example inputs](#)

STEP 2 - Set your parameters

Figure 25 : Interface graphique du programme Clustal Omega.

- Ensuite nous avons envoyé le fichier au logiciel « Clustal Omega » intégré sur le site web « www.ebi.ac.uk », puis appuyez sur « submit » pour réaliser l'alignement multiple.

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

Input form | Web services | Help & Documentation | Bioinformatics Tools FAQ | Feedback

Service Announcement
The new Job Dispatcher Services beta website is now available at <https://wwwdev.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 GGGGGAGCGCGCTGAAGCGAAAGCGCTTGGGTCGTCGACGTCGGTGCATCGCCCA 68
DQ072261.1 ----- 0
AY325736.1 -----TGGTTGCACAGCAATCC-----TTAATAAAAATCCGAGGCACCC----- 39
GU230854.1 ----- 0
F3212301.1 ----- 0
DQ251487.1 ----- 0
F3212305.1 ----- 0
AY939861.1 -----TTAATAAAAATCCGAGGCACCC----- 21
DQ251488.1 ----- 0
F3212304.1 ----- 0
DQ251490.1 ----- 0
F3212306.1 ----- 0
HT048403.1 ----- 0
    
```

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

4. Création de la base de données

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

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

The screenshot shows the MySQL Workbench interface. On the left, the 'SCHEMAS' pane displays a tree view for the 'geneble' database, listing tables such as 'auth_group', 'auth_group_permissions', 'auth_permission', 'auth_user', 'auth_user_groups', 'auth_user_user_permissions', 'django_admin_log', 'django_content_type', 'django_migrations', 'django_session', 'genebleinformations_genesrouillefeuilles', 'genebleinformations_genesrouillesstems', and 'genebleinformations_genesrouillesstges'. The main window shows a query: 'SELECT * FROM geneble.genebleinformations_genesrouillefeuilles;'. The 'Result Grid' displays the following data:

id	nom	classgene	sequence	cds	primerF
1	Lr10	Reaction de Puccinia recondita Rob ex Desm	ATGGCACCATGTCTGGTGAGCGCATCTACGGGA...	join(<1..812,1985..>3938)	CTGCTTCACTTGCCAA
2	Lr19	Reaction de Puccinia recondita Rob ex Desm	GGCGTCCCTGAGGAGTCCGGATCCGGCGGAGG...	join(284...2881,3578..3727)	GTGGTCTATCCCCCA
3	Lr21	Reaction de Puccinia recondita Rob ex Desm	ATGGCACCATGTCTGGTGAGCGCATCTACGGGA...	join(1..3243)	TCGTGCAATCTTCCCTC
4	Lr22	Reaction de Puccinia recondita Rob ex Desm	ATGTCGGGTTGCTGCGACAGTGTTGATGAA...	join(1..304,563..3104,3180..5206)	TGATCCGAAACCGGCC
5	Lr25	Reaction de Puccinia recondita Rob ex Desm	GGCGTCCCTGAGGAGTCCGGATCCGGCGGAGG...	join(1..578,686..2881,3578..3727)	CTCGGAACCTCTACG
6	Lr29	Reaction de Puccinia recondita Rob ex Desm	GGCGTCCCTGAGGAGTCCGGATCCGGCGGAGG...	join(1..578,681..830,1023..1316,2769..)	CGCGAGGTAATGATG
7	Lr32	Reaction de Puccinia recondita Rob ex Desm	GGCGTCCCTGAGGAGTCCGGATCCGGCGGAGG...	join(284..578,681..830,1023..1295,2769..)	GTCCAGGTAGAGGGGG

The 'Output' pane at the bottom shows the execution of the query: '1 23:42:59 SELECT * FROM geneble.genebleinformations_genesrouillefeuilles LIMIT 0, 1000 17 row(s) returned' with a duration of 0.015 sec / 0.00.

Figure 27 : Les tables de la base de données.

Chapitre 03 :
Résultats et discussion

I. Résultats

1. Arbres phylogénétiques

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

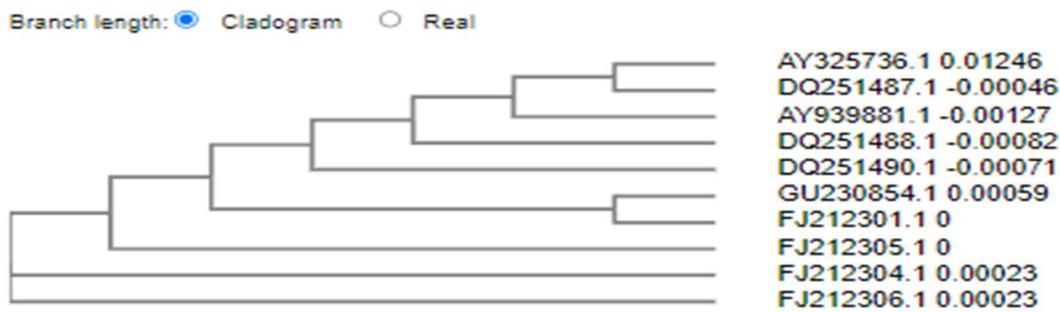


Figure 28 : Arbre phylogénétique des gènes *Lr*.

Tableau 03 : Identification et description des gènes de résistance à la rouille de la feuille.

ID Gène	Nom de l'espèce	Description
AY325736.1	<i>Lr T. aestivum</i>	Powdery mildew resistance protein PM3b
DQ251490.1	<i>Lr T. aestivum</i>	Cultivar Chinese Spring powdery mildew resistance protein PM3CS
AY939881.1	<i>Lr T. aestivum</i>	Powdery mildew resistance protein PM3D
GU230854.1	<i>Lr T. aestivum</i>	Pm3
FJ212306.1	<i>Lr T. aestivum</i>	Voucher IG42281 powdery mildew resistance protein PM3
FJ212305.1	<i>Lr T. aestivum</i>	Voucher IG41606 powdery mildew resistance protein PM3
FJ212304.1	<i>Lr T. aestivum</i>	Voucher AUS13636 powdery mildew resistance protein PM3
FJ212301.1	<i>Lr T. aestivum</i>	Voucher IG42255 powdery mildew resistance protein PM3
DQ251488.1	<i>Lr T. aestivum</i>	Cultivar W150 powdery mildew resistance protein PM3E
DQ251487.1	<i>Lr T. aestivum</i>	Cultivar Triticale/8 Chencellor powdery mildew resistance protein PM3C

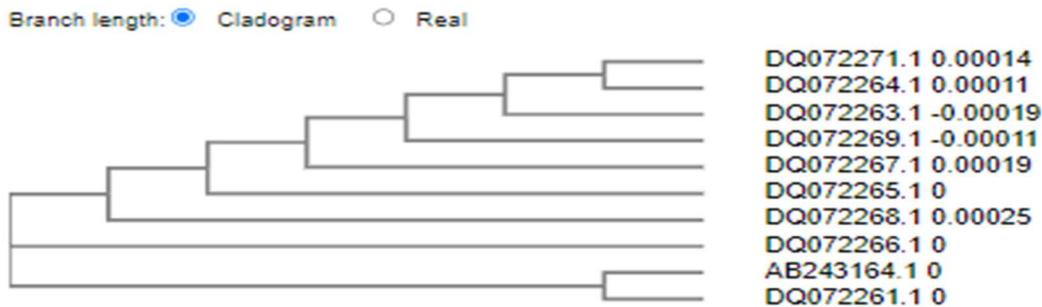


Figure 29 : Arbre phylogénétique des gènes *Yr*.

Tableau 04 : Identification et description des gènes de résistance à la rouille jaune.

ID Gène	Nom de l'espèce	Description
AB243164.1	<i>Yr T. aestivum</i>	ALMT1-2 gene for aluminum-activated malate transporter
DQ072261.1	<i>Yr T. aestivum</i>	Cultivar ES8 ALTM1
DQ072266.1	<i>Yr T. aestivum</i>	Cultivar Janz ALTM1
DQ072269.1	<i>Yr T. aestivum</i>	Cultivar Sunco ALTM1
DQ077268.1	<i>Yr T. aestivum</i>	Cultivar Spica ALTM1
DQ072267.1	<i>Yr T. aestivum</i>	Cultivar Mariga ALTM1
DQ072265.1	<i>Yr T. aestivum</i>	Cultivar Halberd ALTM1
DQ072263.1	<i>Yr T. aestivum</i>	Cultivar Cranbrook ALTM1
DQ072264.1	<i>Yr T. aestivum</i>	Cultivar Empraba ALTM1
DQ072271.1	<i>Yr Ae. tauschii</i>	<i>tauschii</i> ecotype AUS18913 ALTM1

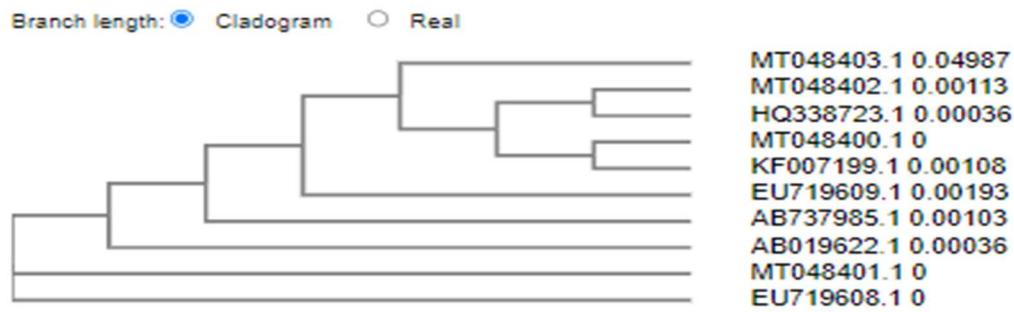


Figure 30 : Arbre phylogénétique des gènes *Sr*.

Tableau 05 : Identification et description des gènes de résistance à la rouille striillée.

ID Gène	Nom de l'espèce	Description
AB737985.1	<i>Sr T. aestivum</i>	Wx-A1 gene for waxy protein
AB019622.1	<i>Sr T. aestivum</i>	Gene for starch synthase
MT048401.1	<i>Sr T. aestivum</i>	Voucher BGE011877 granule-bound starch synthase I (Wx-A1) gene
EU719608.1	<i>Sr T. aestivum</i>	Wx (Wx-A1) gene
MT048400.1	<i>Sr T. aestivum</i>	Voucher BG008218 granule-bound starch synthase
KF007199.1	<i>Sr T. aestivum</i>	Cultivar XN9872 waxy-A gene
MT048402.1	<i>Sr T. aestivum</i>	Voucher BGE013163 granule-bound starch synthase I (Wx-A1) gene
EU719609.1	<i>Sr T. aestivum</i>	Wx-1A null allele
HQ338723.1	<i>Sr T. aestivum</i>	Subsp <i>spelta</i> voucher PI-348458 waxy A1 gene
MT048403.1	<i>Sr T. aestivum</i>	Voucher BGE011889

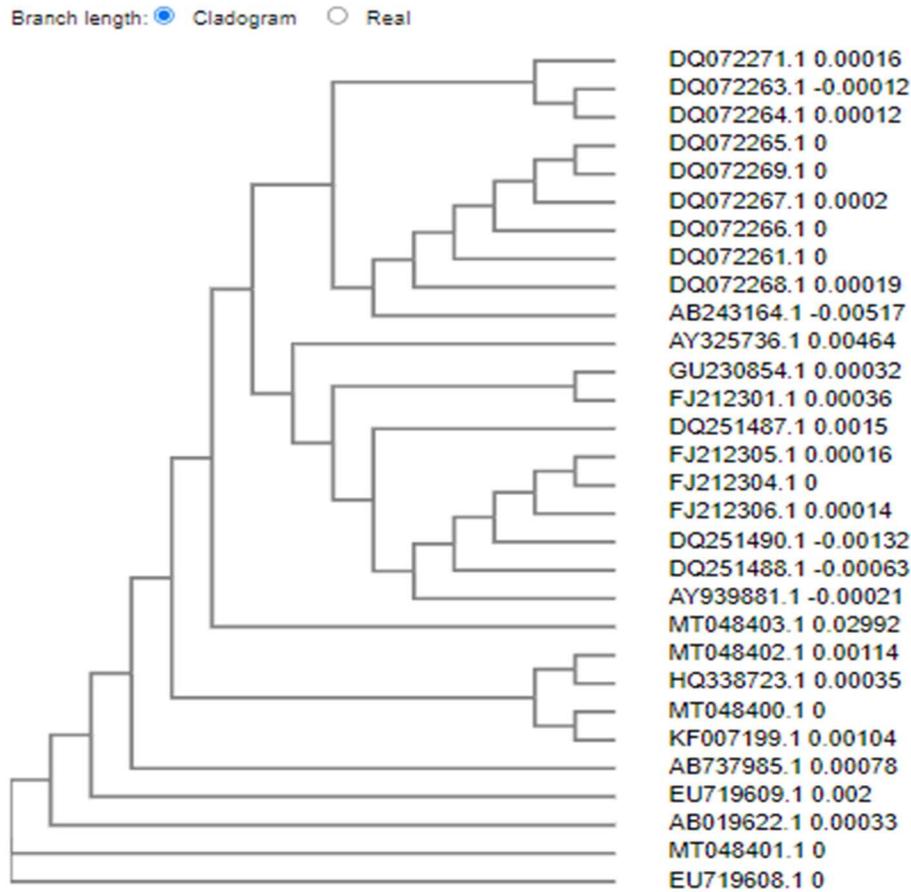


Figure 31 : Arbre phylogénétique des 30 gènes (*Lr*, *Sr* et *Yr*) de *Triticum aestivum*.

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

Dans cet arbre phylogénétique, il y a 30 gènes de résistance aux rouilles (*Lr*, *Sr* et *Yr*) du *Triticum aestivum*, ces gènes sont regroupés entre eux par des clades et se sont divisés en sous groupes.

Le niveau 01 : Il y a 3 groupes:

- Dans le premier groupe, il y a 28 gènes sauf MT048401.1 et EU719608.1 ;
- Au deuxième groupe, il y a un seul gène est MT048401.1 (*Sr T. aestivum*) ;
- Ainsi qu'au troisième groupe, il y a un seul gène aussi EU719608.1 (*Sr T. aestivum*).

Le niveau 02 : il y a deux groups :

- Dans le premier groupe, il y a 03 gènes EU719609.1, AB737985.1 et AB019622.1 (*Sr T. aestivum*) ;
- Et le deuxième groupe avec 25 gènes.

Le niveau 3 : Il y a deux groupes :

- Dans le premier groupe, il y a 4 gènes, MT048403.1, HQ338723.1, MT048402.1 et KF007199.1 (des gènes *Sr* du *T. aestivum*) ;
- Ainsi que le deuxième groupe est constitué de 21 gènes.

Le niveau 04 : il y a 2 groupes :

- Dans le premier groupe, il y a un seul gène MT048403.1 (des gènes *Sr* du *T. aestivum*) ;
- Et le deuxième groupe avec les 20 gènes restants 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 et AY939881.1. (des gènes *Lr* et *Yr* du *T. aestivum* et *Ae. tauschii*).

2. L'application web

Après les recherches et les analyses effectuées, on a réalisé une application web pour présenter les maladies des rouilles qui affectes le blé.

Dans cette application, nous rassemblons toutes les informations concernant chaque maladie qui touche le blé et on les a organisées dans 4 pages principales :

La première : 'accueil' contient le nom de l'application gèneblé et le bouton commencer.

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

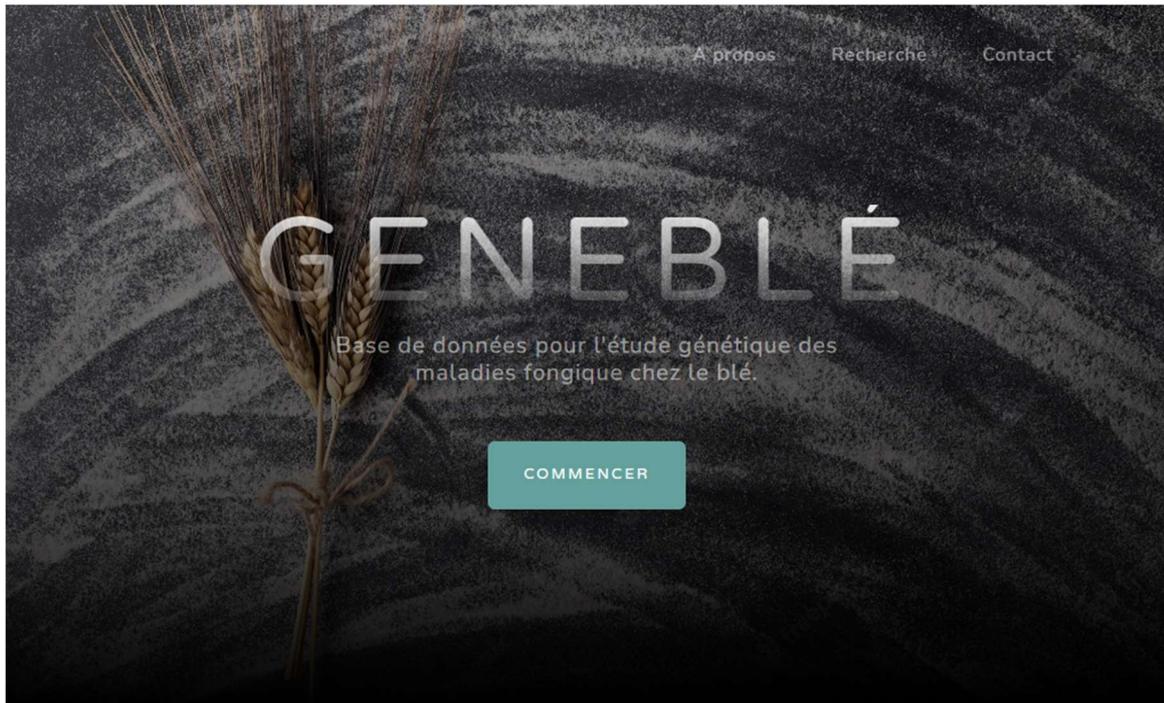


Figure 32 : Interface de l'application web.

La deuxième : 'Apropos', qui explique à quoi sa sert cette application ?



Figure 33 : Interface des protocoles

La troisième : interface recherche contient les 3 types des rouilles.

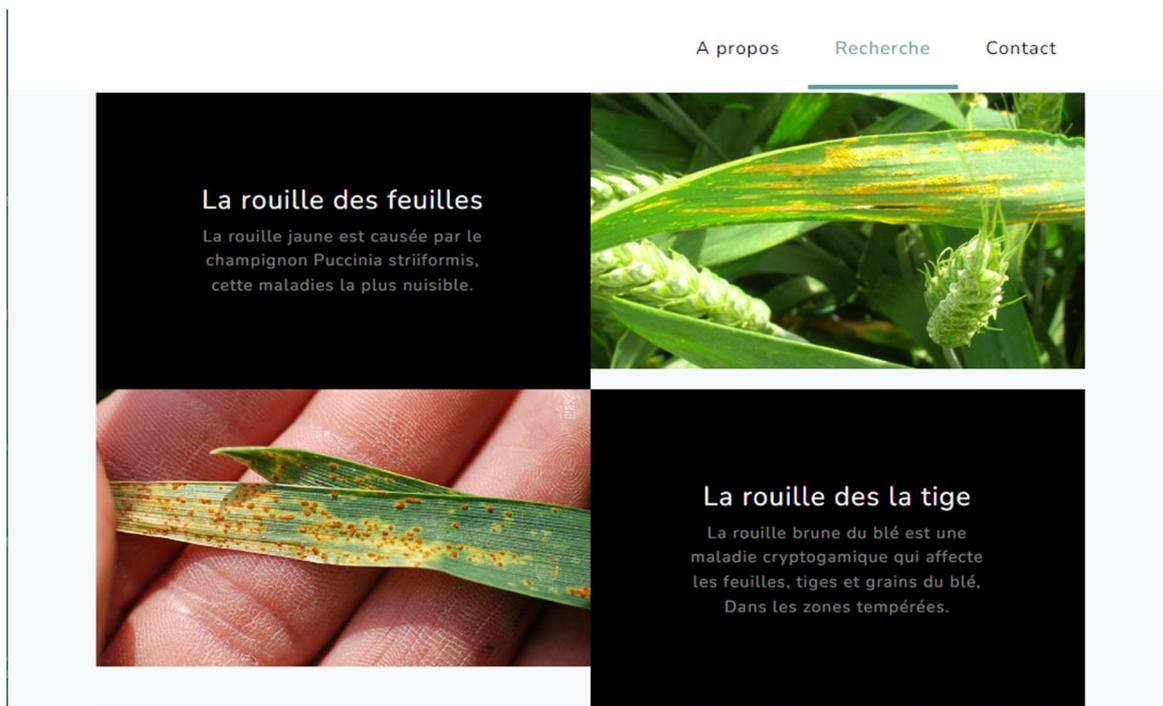


Figure 34 : Interface des rouilles.

Et la quatrième : contient nos informations personnelles.

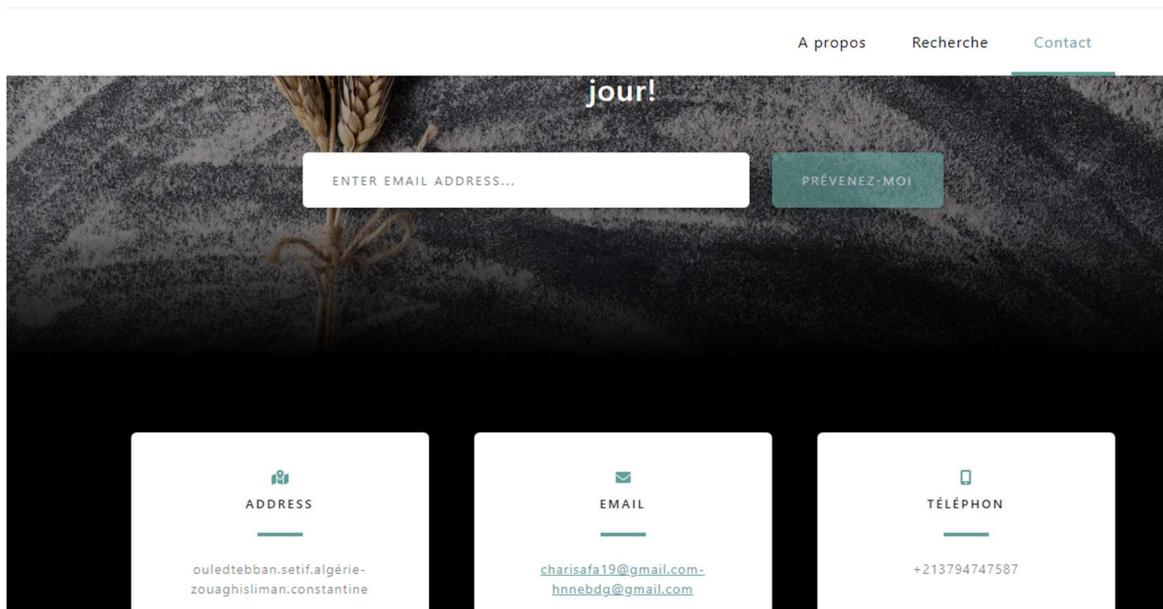


Figure 35 : Interface pour le contact.

II. 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 et banques de données comme GRAINGENE, MASwheat et 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 différents rôles 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 extraire les gènes, les marqueurs moléculaires liés, les séquences, les amorces et les loci, grâce à diverses bases de données comme MIGRAW, MasWheat, GENBANK et Primer 3. Par rapport la base de données en mysql workpench on a choisi des gènes pour chaque maladie ensuite remplir et relier 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 les rouilles (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 à 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 Bibliographiques

- 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)
- 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/
- 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/
- Basf. (2019). La 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/
- Basf. (2019). L'oïdium 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-MaladieDe-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): phytopathology :base molécule paires et biologiques des pathosystèmes et fondement des stratégies de lutte, Édition: les presses agronomique 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-Pathogenes Du Ble Tendre (Triticum Aestivum) De La Region De Bordj Bou Arreridj. Memoire De Master. Universite Mohamed El Bachir El Ibrahimi B.B.A. بو عريبيج 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 Region De Tlemcen. Memoire De Master. Universite 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 Integree 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

<p align="center">Année universitaire : 2022-2023</p>	<p align="center">Présenté par : CHARI Safa</p> <p align="center">BOUDEMAGH Hanen</p> <p align="center">Soutenu le : 19/06/2023</p>						
<p align="center">Analyse <i>in silico</i> des gènes impliqués dans la résistance multiple aux rouilles du blé (<i>Triticum aestivum</i> L.).</p>							
<p align="center">Mémoire pour l'obtention du diplôme de Master en Bioinformatique.</p>							
<p>Résumé :</p> <p>Le blé est une plante stratégique d'intérêt agro-économique crucial. Il peut être attaqué par plusieurs maladies au niveau des racines, des tiges et des feuilles. Les maladies fongiques telles que les rouilles peuvent être à l'origine de pertes de rendement importantes, difficiles à apprécier. L'utilisation de variétés résistantes est un moyen de contrôle efficace à considération aussi bien écologique qu'économique. Elle constitue l'une des principales techniques de lutte et demeurant une composante essentielle pour la plupart des programmes de sélection. Actuellement, il est possible de développer une approche bioinformatique (ou <i>in silico</i>) pour la recherche de gènes de résistance multiple aux rouilles du blé (<i>Triticum aestivum</i> L.). C'est pour cet objectif que nous nous sommes intéressés dans ce travail à la conception d'une base de données regroupant l'ensemble de gènes de résistance connus et identifiés sur le génome du blé, publié récemment, afin de la mettre à la disponibilité des sélectionneurs du blé. Cette base de données (<i>Gèneblé</i>) nous a permis d'identifier des gènes impliqués dans la résistance multiple aux rouilles et de mettre à la disposition des chercheurs la possibilité d'exploiter plus facilement les informations liées à ces gènes de résistance.</p>							
<p>Mots clés : Blé, <i>Triticum aestivum</i>, rouilles, gènes de résistance, base de données et <i>in silico</i>.</p>							
<p>Jury d'évaluation :</p> <table border="0"> <tr> <td>Président : Dr. DAAS M. S. M.C.A.</td> <td>Univ. Frères Mentouri Constantine 1</td> </tr> <tr> <td>Encadrant : Dr. KELLOU K. M.A.A.</td> <td>Univ. Frères Mentouri Constantine 1</td> </tr> <tr> <td>Examineur : Dr. TEMAGOULT M. M.A.A.</td> <td>Univ. Frères Mentouri Constantine 1</td> </tr> </table>		Président : Dr. DAAS M. S. M.C.A.	Univ. Frères Mentouri Constantine 1	Encadrant : Dr. KELLOU K. M.A.A.	Univ. Frères Mentouri Constantine 1	Examineur : Dr. TEMAGOULT M. M.A.A.	Univ. Frères Mentouri Constantine 1
Président : Dr. DAAS M. S. M.C.A.	Univ. Frères Mentouri Constantine 1						
Encadrant : Dr. KELLOU K. M.A.A.	Univ. Frères Mentouri Constantine 1						
Examineur : Dr. TEMAGOULT M. M.A.A.	Univ. Frères Mentouri Constantine 1						