



الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية

République Algérienne Démocratique Et Populaire
وزارة التعليم العالي والبحث العلمي
Ministère De L'enseignement Supérieur Et De La Recherche
Scientifique



Université Constantine 1 Frères
Mentouri
Faculté des Sciences de la Nature
et de la Vie

جامعة قسنطينة 1 الإخوة منوري
كلية علوم الطبيعة والحياة
Nature et de la Vie

قسم : بиولوجيا النبات

Département : Biologie Végétale
Mémoire présenté en vue de l'obtention du Diplôme de
Master

Domaine : Sciences de la Nature et de la Vie

Filière : Biotechnologies

Spécialité : Biotechnologie et Génomique Végétale

N° d'ordre :

N° de série :

Intitulé :

Etat des lieux et perspectives de la génomique du blé

Présenté par: MEDILA AMIRA

Le :26/06/2025

Jury d'évaluation :

Président : MCA KACHIDE M (Université Constantine 1 Frère Mentouri.)

Encadrant : MAA TEMAGOULT M (Université Constantine 1 Frères Mentouri.)

Examinateur : MCB HAMLA (Université Constantine 1 Frères Mentouri.)

Année universitaire 2024 - 2025

Dédicace

À ma mère, pour son soutien constant, sa patience et son amour sans limites. Merci d'avoir toujours été là, dans les moments faciles comme dans les plus difficiles.

À mon père, pour sa force tranquille, ses encouragements et sa confiance discrète. Tu m'as appris à ne jamais baisser les bras.

À ma sœur et à mon frère, pour leur présence, leurs sourires et leurs mots qui ont souvent fait la différence. Vous avez été un vrai appui tout au long de ce parcours.

Je dédie aussi ce travail à toutes les personnes qui, de près ou de loin, m'ont accompagné durant cette aventure : famille, amis, enseignants, camarades. Votre aide, vos conseils ou simplement votre présence ont compté.

Ce mémoire est bien plus qu'un travail personnel. Il est aussi le reflet de toutes les personnes qui m'ont soutenue et encouragée. Merci à vous.

Amira

Remerciement

Je souhaite, en premier lieu, exprimer ma profonde reconnaissance à Dieu. Sa présence a été un repère constant durant ce parcours, m'offrant la force et la clarté nécessaires dans les moments de doute.

Mes remerciements les plus sincères vont à mes parents. Leur soutien indéfectible, leur patience et leurs encouragements ont été essentiels. Leur confiance m'a toujours poussé à aller plus loin, et ce travail leur doit beaucoup.

Je remercie vivement Monsieur Temagoult, mon directeur de mémoire, pour son accompagnement rigoureux et bienveillant. Ses remarques précises, sa disponibilité et ses conseils m'ont permis d'avancer avec méthode et sérénité.

Je tiens également à remercier l'ensemble des enseignants de l'université Mehmed pour la qualité de leur enseignement et l'exigence intellectuelle qu'ils transmettent. Leur engagement a grandement contribué à ma formation.

Enfin, un grand merci à toutes les personnes, proches ou moins proches, qui m'ont soutenu de quelque manière que ce soit. Chaque geste, chaque mot d'encouragement a compté.

Ce mémoire est le résultat d'un effort personnel, mais il n'aurait pas été possible sans l'aide et l'influence de chacun d'entre vous.

Table des matières

Dédicace.....	1
Remerciment.....	2
Introduction.....	1
1.Objectifs de l'étude	3
Chapitre 1 : Généralités	4
I.Generalité sur le blé :	5
I. Origine du blé ET HISTORIQUE:	5
II. Historique du blé :	6
II.1. L'époque romaine et médiévale	6
II.2 Le blé dans les temps modernes.....	7
II.3 Le blé aujourd'hui	7
III. Évolution génétique et hybridation	7
I. Carte génétique du blé :	10
I.1. Cartographie physique et génétique	10
1.3 Utilisation interet d'une cartographie génétique :.....	12
1.4 Identification de QTLs	12
II. Applications et perspectives.....	13
III. Évolution des cartes génétiques du blé	13
IV. Défis et perspectives Avancés en Génétique et Génomique du Blé :.....	15
V. Le projet IWGSC : une initiative internationale structurée :	17
V.1 Approche BAC-by-BAC:.....	17
V.2 Technologies utilisées :.....	17
V.3 Résultats principaux :.....	18
V.4 Applications biotechnologiques :.....	18

V.5 Impacts Scientifiques et Agricoles :	18
V.6 Réalisations Majeures :	19
V.7 Applications Agricoles :	20
V.8 Modèle de Gouvernance :	20
V.9 Défis Rencontrés et Solutions :	20
V.10 Perspectives et Prolongements :	21
VI.Carte physique du génome du blé.....	21
1. Objectifs et importance de la cartographie physique	21
2. Méthodologie biotechnologique de cartographie physique	22
2.1. Fractionnement chromosomique.....	22
2.2. Construction de banques BAC.....	22
2.3. Cartographie par hybridation et fingerprinting	22
2.4. Ancrage génétique et séquençage	22
3. Résultats clés.....	22
4. Applications et perspectives	23
Chapitre 3 : Application de donnée et de séquençage de la cartographie.....	24
I. Identification des Gènes de Résistance par Séquençage et Cartographie :	27
II. Méthodes d'Exploitation des Données pour la Lutte contre les Pathogènes :	27
III. Rôle des Marqueurs Moléculaires dans l'Amélioration de la Tolérance du Blé aux Stress Abiotiques :	28
III.1 Applications des Marqueurs Moléculaires dans la Lutte contre les Stress Abiotiques :	28
III.2 Avantages des Marqueurs SNP pour les Stress Abiotiques :.....	29
III.3 Exemples Concrets :	30
III.4 Perspectives :	31
VI. Perspectives Futures de la Génétique et Génomique du Blé :	31
V. Défis Persistants :	32
Conclusion:	36

Références bibliographique	39
Reference bibliographique	40
Résumé:	43

Liste des tableaux

Tableau 1 Types primitifs de blé domestiqués	6
Tableau 2 Diffusion du blé à travers les continents.....	Erreur ! Signet non défini.
Tableau 3 Principales espèces de blé cultivées.....	5
Tableau 4 Principaux gènes de résistance identifiés.....	28
Tableau 5 QTLs majeurs pour les stress abiotiques	29

Liste des figures

Figure 1 Carte du croissant fertile, berceau de la domestication du blé	6
Figure 2 Schéma de l'évolution génétique du blé	8
Figure 3 Représentation du commerce du blé dans l'Empire romain	7
Figure 4 Workflow des technologies génomiques appliquées au blé	26

Tableau d'abréviations

Abréviation	Signification
IWGSC	International Wheat Genome Sequencing Consortium
QTL	Quantitative Trait Locus
SNP	Single Nucleotide Polymorphism
SSR	Simple Sequence Repeats
BAC	Bacterial Artificial Chromosome
NGS	Next-Generation Sequencing
GWAS	Genome-Wide Association Study
CRISPR-Cas9	Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats - Cas9
SAM	Sélection Assistée par Marqueurs
YAC	Yeast Artificial Chromosome
DArT	Diversity Arrays Technology
EST	Expressed Sequence Tag
RILs	Recombinant Inbred Lines
DH	Doubled Haploids
MAGIC	Multi-parent Advanced Generation Inter-Cross
GBS	Genotyping-by-Sequencing
WGS	Whole Genome Sequencing
RNA-Seq	RNA Sequencing
PGPR	Plant Growth-Promoting Rhizobacteria
G×E	Interaction Génotype × Environnement

Introduction

Introduction

Le blé (*Triticum spp.*) représente l'une des cultures céréalières les plus stratégiques au monde, tant sur le plan alimentaire qu'économique. Il constitue la base de l'alimentation pour une large partie de la population mondiale et joue un rôle central dans la sécurité alimentaire de nombreux pays, notamment ceux du pourtour méditerranéen. En Algérie, cette culture occupe une place privilégiée dans les systèmes agricoles, bien que sa production reste insuffisante pour couvrir les besoins nationaux, ce qui oblige le pays à recourir massivement à l'importation. Cette dépendance expose l'économie nationale aux fluctuations des marchés mondiaux et souligne la nécessité d'une amélioration durable de la production locale.

Cependant, la culture du blé en Algérie et ailleurs fait face à de nombreux défis : variabilité climatique, épuisement des sols, apparition de nouvelles maladies et attaques parasitaires, sans oublier la pression démographique qui accentue la demande. Dans ce contexte, la recherche agronomique est appelée à proposer des solutions innovantes et efficaces. L'un des leviers les plus prometteurs est sans doute la génomique, discipline qui permet d'étudier l'ensemble du matériel génétique d'un organisme dans le but de comprendre, manipuler ou exploiter ses caractéristiques à des fins d'amélioration.

La génomique du blé a connu des avancées spectaculaires grâce aux nouvelles technologies de séquençage à haut débit et à l'essor de la bioinformatique. Le séquençage complet du génome du blé tendre (*Triticum aestivum*), publié en 2018 par le Consortium international pour le génome du blé (IWGSC), a constitué un tournant majeur. Cette avancée permet aujourd'hui de mieux comprendre la structure complexe et polyploïde du génome du blé, d'identifier les gènes d'intérêt agronomique, et d'accélérer les programmes de sélection variétale via des approches telles que la sélection assistée par marqueurs ou l'édition génomique.

Dans un contexte de changement climatique et d'épuisement des ressources naturelles, il est impératif d'orienter la recherche vers des stratégies durables, capables d'accroître la résilience des cultures tout en maintenant des rendements élevés. La génomique représente ainsi un outil de premier plan pour relever ces défis et contribuer à l'autosuffisance alimentaire des pays comme l'Algérie.

Dans ce contexte l'objectif de présent le travail est de faire une synthèse bibliographique sur les avancées récentes dans le domaine de la génomique du blé

En exposant les points suivants :

1. Objectifs de l'étude

Ce mémoire vise à:

- Faire un état des lieux des avancées récentes dans le domaine de la génomique du blé, en mettant en lumière les techniques, outils et résultats obtenus au niveau international.
- Analyser les applications actuelles de la génomique dans l'amélioration du blé, notamment en termes de rendement, de résistance aux stress et de qualité du grain.
- Identifier les opportunités et les perspectives d'intégration de la génomique dans les programmes algériens de sélection variétale, tout en tenant compte des défis techniques, économiques et institutionnels.
- Formuler des recommandations en faveur du développement de la recherche appliquée et de l'innovation génomique dans l'agriculture algérienne.

Chapitre 1 : Généralités

I.Generalité sur le blé :

Le blé (*Triticum spp.*) est une plante annuelle de la famille des Poacées, cultivée pour ses grains riches en amidon. C'est l'une des principales céréales à l'échelle mondiale, utilisée dans l'alimentation humaine sous forme de farine, et également en alimentation animale. Le blé est classé parmi les cultures dites « de base » ou « céréales de grande culture », et il comprend plusieurs espèces, dont les plus couramment cultivées sont *Triticum aestivum* (blé tendre) et *Triticum durum*. (**FAO. 2004**).

Tableau 1 Principales espèces de blé cultivées

Espèce	Nom commun	Utilisation principale
<i>Triticum aestivum</i>	Blé tendre	Pain, pâtisseries
<i>Triticum durum</i>	Blé dur	Pâtes alimentaires

I. Origine du blé ET HISTORIQUE:

Le blé est l'une des cultures les plus anciennes et les plus importantes au monde. Présent dans l'alimentation de milliards de personnes, il joue un rôle fondamental dans l'histoire de l'humanité. Mais d'où vient réellement cette céréale ? L'origine du blé est une histoire fascinante de domestication, d'évolution biologique et de diffusion culturelle à travers le monde. (**Heun, M., & autres. 1997**).

Les recherches archéologiques et génétiques montrent que le blé trouve son origine dans le Croissant fertile, une région située au Moyen-Orient, comprenant l'actuelle Turquie, la Syrie, l'Irak et l'Iran. Les premières traces de domestication du blé remontent à environ 10 000 ans, pendant la période néolithique.

Deux types primitifs de blé ont été domestiqués :

- Le blé amidonnier (*Triticum dicoccum*)
- L'engrain (*Triticum monococcum*)

Ces variétés sauvages étaient récoltées par les populations néolithiques avant d'être progressivement cultivées. Cette domestication est souvent associée à la révolution néolithique, marquant la transition de l'humanité d'un mode de vie de chasseurs-cueilleurs à celui d'agriculteurs. (**Feldman, M., & Kislev, M. E. 2007**).

Tableau 2 Types primitifs de blé domestiqués

Type de blé	Nom scientifique	Caractéristiques
Blé amidonnier	<i>Triticum dicoccum</i>	Utilisé pour les premières cultures céréalières
Engrain	<i>Triticum monococcum</i>	Variété sauvage, grains petits et rustiques

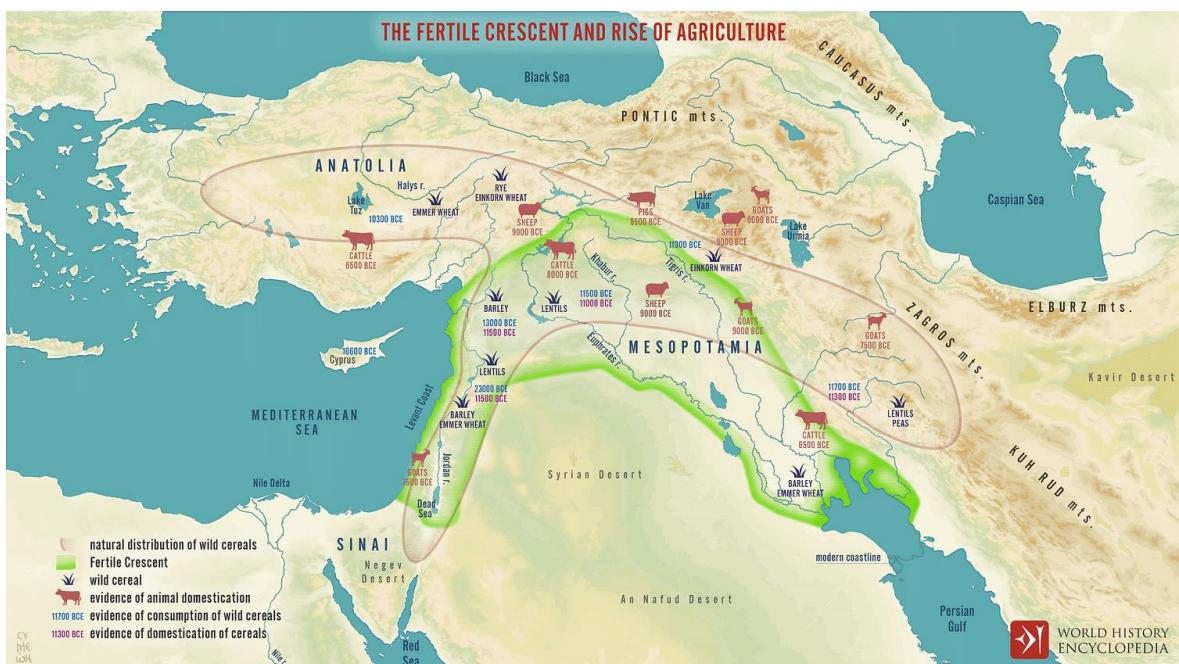


Figure 1 Carte du croissant fertile, berceau de la domestication du blé

II. Historique du blé :

II.1. L'époque romaine et médiévale

Pendant l'époque romaine, le blé devient un aliment stratégique. Rome dépendait fortement des livraisons de blé en provenance de l'Égypte et de l'Afrique du Nord. Le pain devient un aliment de base pour les citoyens romains, et le blé est considéré comme un symbole de richesse et de stabilité politique.

Au Moyen Âge, le blé continue d'être cultivé, surtout dans les régions tempérées de l'Europe. Il est cependant réservé aux classes aisées, car la population rurale consomme davantage de seigle, d'orge ou d'avoine. (Heun, M., Schäfer-Pregl, R., Klawan, D., et al. 1997).

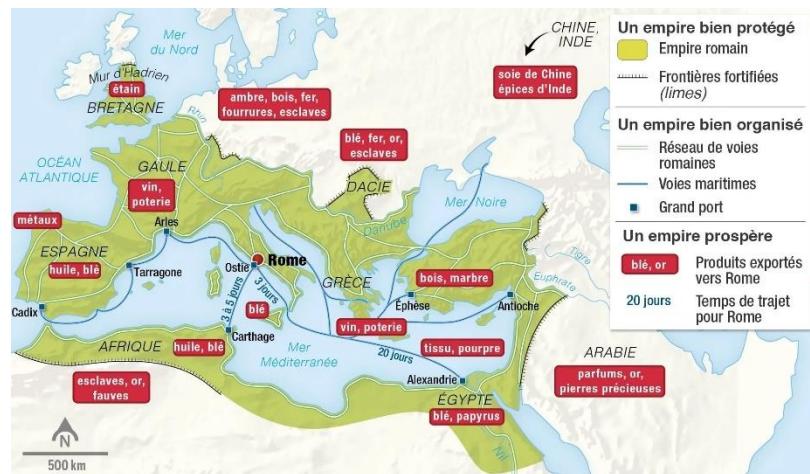


Figure 2 Représentation du commerce du blé dans l'Empire romain

II.2 Le blé dans les temps modernes

Avec les Grandes découvertes (XVe – XVIe siècle), le blé est introduit dans le Nouveau Monde : en Amérique du Nord, en Amérique du Sud et en Australie. Les colons européens apportent des semences et développent une agriculture céréalière sur de nouvelles terres.

Au XIXe siècle, avec la révolution industrielle, la mécanisation permet une production plus massive. L'invention du moulin à cylindres transforme la manière de produire la farine, donnant naissance à l'industrie meunière moderne. (Feldman, M., & Kislev, M. E. 2007).

II.3 Le blé aujourd'hui

Aujourd'hui, le blé est cultivé sur tous les continents (sauf l'Antarctique). Il représente plus de 35 % des céréales consommées dans le monde. Grâce à la sélection variétale et aux progrès de la biotechnologie, le blé moderne est plus résistant, plus productif, et mieux adapté aux besoins alimentaires mondiaux.

L'histoire du blé est celle d'un voyage millénaire : des vallées fertiles du Moyen-Orient jusqu'aux plaines d'Amérique, il a nourri les peuples, façonné les civilisations et marqué l'évolution de l'agriculture. Il est aujourd'hui plus qu'une simple plante : c'est un patrimoine mondial de l'humanité. (Shewry, P. R. 2009).

III. Évolution génétique et hybridation

L'histoire du blé est aussi celle d'une complexe évolution génétique. Le blé moderne est un exemple d'hybridation naturelle entre différentes espèces. L'hybridation entre le *Triticum urartu* (une espèce sauvage de blé) et une espèce proche du *Aegilops speltoides* (une herbe sauvage) a donné naissance au blé tétraploïde. Ce dernier s'est ensuite hybridé avec une autre herbe sauvage, *Aegilops tauschii*, pour produire le blé hexaploïde moderne (*Triticum aestivum*), celui que nous consommons aujourd'hui.

1. **Hybridation** : *Triticum urartu* \times *Aegilops speltoides* \rightarrow Blé tétraploïde.
2. **Hybridation** : Blé tétraploïde \times *Aegilops tauschii* \rightarrow Blé hexaploïde (*Triticum aestivum*).

Figure 3 Schéma de l'évolution génétique du blé

Chapitre 2: Cartographie et sequencage du genome du blé

I. Carte génétique du blé :

Le blé (*Triticum spp.*) est l'une des premières céréales domestiquées par l'Homme. Sa culture remonte à environ 10 000 ans, dans le Croissant fertile. Depuis, son utilisation a profondément évolué, suivant les avancées technologiques, les besoins nutritionnels et les enjeux socio-économiques. Ce chapitre explore l'évolution historique, industrielle et biotechnologique de l'utilisation du blé.

Le blé (*Triticum aestivum L.*) est une céréale d'une importance capitale pour la sécurité alimentaire mondiale. Son génome complexe, de nature hexaploïde (AABBDD), comprend 21 chromosomes et environ 17 milliards de paires de bases, soit cinq fois la taille du génome humain. Cette complexité a longtemps entravé les efforts de séquençage et de cartographie génétique. Cependant, les avancées récentes en biotechnologie ont permis des progrès significatifs dans la compréhension et l'exploitation du génome du blé. (INRAE. 2018)

I.1. Cartographie physique et génétique

La cartographie physique du génome du blé a été rendue possible par la construction de banques de chromosomes artificiels de levure (YACs) et de chromosomes artificiels bactériens (BACs). Ces banques permettent l'ordonnancement des fragments d'ADN et la localisation précise des gènes d'intérêt. Par exemple, pour établir une carte physique des 21 chromosomes du blé, 37 banques BAC spécifiques aux chromosomes et bras chromosomiques ont été construites. (Vernet, P. 2015)

I.2. Stratégie globale d'obtenir une cartographie génétique :

Pour obtenir une cartographie génétique détaillée du blé (*Triticum spp.*), une stratégie globale doit intégrer plusieurs étapes clés. Tout d'abord, il est essentiel de sélectionner un matériel biologique adapté, notamment des populations de cartographie telles que des lignées recombinantes (RILs) ou des haploïdes doublés (DH), issues de croisements entre variétés présentant des traits contrastés. Ensuite, le génotypage à haut débit, utilisant des marqueurs moléculaires comme les SNPs ou les SSR, permet d'établir une couverture génomique dense. Des techniques de séquençage (GBS, WGS) et des outils bioinformatiques (JoinMap, QTL IciMapping) sont ensuite employés pour construire la carte génétique et aligner les marqueurs sur le génome de référence du blé. L'identification de QTLs (quantitative trait loci) associés à des caractères agronomiques peut être renforcée par des études d'association pangénomique (GWAS). Enfin, l'intégration des données dans des

bases dédiées (comme GrainGenes) et l'application de la sélection assistée par marqueurs (SAM) ou de l'édition génomique (CRISPR-Cas9) permettent de valoriser ces résultats pour l'amélioration variétale. Cette approche, soutenue par les ressources de l'IWGSC (International Wheat Genome Sequencing Consortium), offre des perspectives prometteuses pour la recherche et la sélection du blé (**IWGSC, 2018 ; Cabral et al., 2021**).

1. Choix du Matériel Biologique

- **Population de cartographie :**
 - ✓ Utiliser des populations biparentales (F2, RILs – *Recombinant Inbred Lines*, DH – *Doubled Haploids*) ou des populations multi-parentales (MAGIC – *Multi-parent Advanced Generation Inter-Cross*).
 - ✓ Privilégier des croisements entre variétés contrastées (ex. résistance vs sensibilité à une maladie).
- **Accès à la diversité génétique :**

Inclure des cultivars modernes, des lignées sauvages et des espèces apparentées (*Aegilops*, *Triticum urartu*).

2. Génération et Analyse des Données Moléculaires

- **Marqueurs moléculaires :**
 - ✓ SNPs (via séquençage haut débit, ex. puce SNP ou GBS – *Genotyping-by-Sequencing*).
 - ✓ SSR (*Simple Sequence Repeats*) pour une validation complémentaire.
 - ✓ DArT (*Diversity Arrays Technology*) pour une couverture rapide du génome.
- **Séquençage :**
 - ✓ Séquençage du génome entier (*Whole Genome Sequencing*, WGS) pour une résolution élevée.
 - ✓ RNA-Seq pour l'annotation des gènes et l'analyse de l'expression.

3. Construction de la Carte Génétique

- **Logiciels de cartographie :**
 - ✓ Utiliser des outils comme JoinMap, QTL IciMapping, ou R/qtl pour l'analyse de liaison.
 - ✓ Intégrer des données de séquençage avec des références génomiques (ex. IWGSC – *International Wheat Genome Sequencing Consortium*).
- **Alignement avec le génome de référence :**
 - ✓ Annoter les marqueurs sur les chromosomes du blé (A, B, D pour le blé hexaploïde).

4. Identification de QTLs et Gènes d'Intérêt

- **Analyse QTL :**

- ✓ Déetecter des régions génomiques associées à des traits agronomiques (rendement, résistance aux maladies, tolérance au stress).
- ✓ Validation par GWAS (*Genome-Wide Association Study*) sur des panels diversifiés.
 - **Cartographie fine et clonage de gènes :**
- ✓ Utiliser le séquençage ciblé et la mutagenèse pour confirmer les gènes candidats.

5. Intégration des Données et Applications

- **Base de données génomiques :**
- ✓ Stocker les données dans des plateformes comme GrainGenes ou Ensembl Plants.
 - **Sélection assistée par marqueurs (SAM) :**
- ✓ Développer des marqueurs moléculaires pour la sélection variétale.
 - **Édition génomique :**
- ✓ Utiliser CRISPR-Cas9 pour modifier des gènes identifiés.

1.3 Utilisation interet d'une cartographie génétique :

La cartographie génétique du blé (*Triticum spp.*) joue un rôle crucial dans la recherche agronomique et l'amélioration variétale. Elle permet d'identifier et de localiser des gènes ou régions génomiques (QTLs) associés à des caractères d'intérêt, tels que le rendement, la résistance aux maladies, la tolérance à la sécheresse ou la qualité nutritionnelle. Grâce aux marqueurs moléculaires (SNPs, SSR), les sélectionneurs peuvent accélérer la sélection assistée par marqueurs (SAM), réduisant ainsi le temps nécessaire au développement de nouvelles variétés. De plus, la cartographie facilite l'exploration de la diversité génétique et l'introgression de gènes bénéfiques issus de parents sauvages ou d'espèces apparentées. Les avancées en séquençage haut débit et en bioinformatique, combinées aux ressources de l'IWGSC (International Wheat Genome Sequencing Consortium), ont permis d'affiner ces cartes et de les intégrer dans des programmes de sélection modernes, y compris l'édition génomique (CRISPR-Cas9). Ces outils contribuent à répondre aux défis de la sécurité alimentaire et de l'adaptation au changement climatique (IWGSC, 2018 ; Voss-Fels et al., 2019).

1.4 Identification de QTLs

L'établissement de cartes génétiques a permis l'identification de plusieurs loci de caractères quantitatifs (QTLs) impliqués dans des traits agronomiques importants. Par exemple, un QTL majeur affectant la dureté du grain a été localisé sur le chromosome 5, à

proximité du marqueur Xmta9. Cette information est cruciale pour l'amélioration de la qualité boulangère des blés cultivés. (**Vernet, P. 2015**)

II. Applications et perspectives

La cartographie génétique détaillée du blé ouvre la voie à des applications variées en amélioration génétique. Les informations génomiques permettent une sélection plus précise et plus rapide des variétés présentant des traits d'intérêt, tels que la résistance aux maladies, la tolérance aux stress abiotiques et la qualité nutritionnelle. De plus, l'intégration de données génomiques dans les programmes de sélection assistée par marqueurs accélère le développement de nouvelles variétés adaptées aux défis agricoles actuels et futurs.

Les avancées en biotechnologie ont transformé notre capacité à cartographier et à comprendre le génome complexe du blé.

La combinaison de techniques de séquençage avancées, de construction de cartes physiques et génétiques, et d'identification de QTLs offre des outils puissants pour l'amélioration variétale. Ces progrès sont essentiels pour répondre aux besoins croissants en production céréalière dans un contexte de changement climatique et de demande alimentaire mondiale accrue. (**SEMAE Pédagogie. (s.d.)**)

III. Évolution des cartes génétiques du blé

a) Cartes génétiques classiques (marqueurs moléculaires) :

Les premières cartes ont été établies à l'aide de : à développer en détail !

- Marqueurs RFLP (Polymorphisme de longueur des fragments de restriction) :**

Les marqueurs RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) ont constitué une étape fondatrice dans la cartographie génétique du blé, permettant les premières constructions de cartes génétiques détaillées de cette céréale au génome complexe. Ces marqueurs, basés sur la détection de polymorphismes de longueur des fragments de restriction, ont été particulièrement utiles pour établir les relations génétiques entre les différents génomes du blé (A, B et D) et pour identifier des loci associés à des caractères agronomiques majeurs, comme les gènes de résistance aux maladies fongiques (**Gale & Devos, 1998**). Bien que laborieux et nécessitant des techniques d'hybridation ADN, les RFLP ont permis des avancées significatives dans l'étude de la diversité génétique du blé et dans l'introgression de gènes d'intérêt à partir d'espèces sauvages apparentées. Aujourd'hui supplantés par des technologies plus performantes comme les marqueurs SNP ou le séquençage haut débit, les

RFLP restent néanmoins importants pour comprendre l'évolution des connaissances en génomique du blé et pour certaines applications ciblées nécessitant une approche fine de cartographie (**McIntosh et al., 1995**). Leur héritage technique continue d'influencer les méthodes modernes de sélection variétale assistée par marqueurs.

• **Marqueurs SSR (Microsatellites) :**

Les marqueurs SSR (microsatellites) constituent un outil moléculaire de choix pour les études génétiques du blé, combinant haute polymorphie et reproductibilité. Ces séquences répétées courtes (1-6 nucléotides), dispersées dans tout le génome, permettent des analyses fines de diversité génétique et de structure des populations, tout en servant de base solide pour la construction de cartes génétiques détaillées (**Röder et al., 1998**). Leur nature codominante et leur polymorphisme élevé en font des marqueurs idéaux pour la sélection assistée, notamment pour le suivi de gènes d'intérêt agronomique comme ceux impliqués dans la résistance aux maladies ou la qualité technologique. Bien que le développement initial des amorces SSR soit coûteux et nécessite une connaissance préalable des séquences flanquantes, leur utilité persiste malgré l'avènement des technologies de séquençage haut débit. L'WGSC (2018) a d'ailleurs largement exploité ces marqueurs pour valider et affiner l'assemblage du génome de référence du blé. Aujourd'hui encore, les SSR restent incontournables pour des applications pratiques comme le contrôle variétal, la protection des obtentions végétales ou le suivi d'introgression dans les programmes d'amélioration (**Gupta et al., 2003**), démontrant ainsi leur valeur durable en génétique céréalière.

• **Marqueurs SNP (Polymorphismes nucléotidiques simples) :**

Les marqueurs SNP représentent l'outil de choix actuel pour les études génomiques du blé, offrant une résolution sans précédent pour l'analyse de ce génome complexe. Ces variations d'un seul nucléotide, présentes partout dans le génome, permettent des analyses à haut débit grâce aux technologies de génotypage modernes (**Bevan et al., 2017**). Leur densité exceptionnelle (plusieurs millions par génome) autorise des études d'association pangénomique (GWAS) fines pour identifier des loci liés à des caractères quantitatifs complexes comme le rendement ou la tolérance au stress hydrique (Juliana et al., 2019). Contrairement aux marqueurs SSR, les SNP ne nécessitent pas de développement préalable spécifique et sont directement exploitables à partir des données de séquençage. Leur biallélisme limité est compensé par leur très grand nombre et leur distribution uniforme dans

le génome. Le projet de référence du génome du blé (IWGSC RefSeq v2.0) a permis de cartographier plus de 10 millions de SNP, créant ainsi une ressource inestimable pour la recherche et la sélection (IWGSC, 2018). Ces marqueurs sont particulièrement adaptés à la sélection génomique, où des milliers de SNP sont utilisés pour prédire la valeur génétique des individus. Des puces SNP comme la Wheat 660K ou la Wheat 90K ont été développées spécifiquement pour cette céréale, permettant un génotypage économique et standardisé (Wang et al., 2020). Bien que nécessitant des infrastructures de bioinformatique importantes pour l'analyse des données, les marqueurs SNP dominent désormais les études de génétique du blé, offrant des possibilités inégalées pour décrypter la complexité de ce génome polyploïde et accélérer les programmes d'amélioration variétale.

Ces cartes ont permis de localiser des QTL (Quantitative Trait Loci) liés à des caractères agronomiques comme :

- La résistance aux maladies (rouilles, fusariose)
- La tolérance à la sécheresse
- Le rendement et la qualité nutritionnelle

b) Cartes physiques et séquençage complet :

Le International Wheat Genome Sequencing Consortium (IWGSC) a publié en 2018 une séquence de référence complète du blé (cv. *Chinese Spring*) :

- 21 chromosomes assemblés (7 pour chaque sous-génome)
- Annotation de >100 000 gènes
- Intégration des données génétiques et physiques

Cette avancée a permis :

- Une meilleure compréhension de la synténie (organisation des gènes) entre les sous-génomes
- L'identification précise de gènes candidats pour l'amélioration variétale
- Le développement de marqueurs haute densité pour la sélection génomique

IV. Défis et perspectives Avancés en Génétique et Génomique du Blé :

1. Défis Majeurs dans l'Étude du Génome du Blé :

a) Complexité Structurale et Limitations Techniques :

- Grande taille et répétitivité du génome (~16 Gb, >85 % d'éléments répétitifs) → difficultés d'assemblage précis.
- Redondance génique due à la polyplioïdie (AABBDD) → complique l'identification des fonctions des gènes homologues.
- Limites des technologies de séquençage : Les technologies actuelles (Illumina, Nanopore, PacBio) peinent à résoudre les régions télomériques et centromériques.

b) Gestion et Analyse des Données (Bioinformatique) :

- Big Data génomique → besoins en puissance de calcul et stockage.
- Annotation fonctionnelle incomplète → beaucoup de gènes sans fonction connue.
- Interprétation des variants structuraux (SVs) et leur impact agronomique.

c) Barrières en Amélioration Variétale :

- Interaction génotype × environnement (G×E) → rend difficile la prédiction de l'expression des gènes.
- Acceptation réglementaire des nouvelles technologies (édition génomique, OGM).
- Accès limité à la diversité génétique ancestrale (espèces sauvages sous-exploitées).

2. Perspectives et Solutions Innovantes :

a) Nouvelles Technologies de Séquençage et Cartographie :

- Séquençage de 3^e génération (Nanopore, PacBio HiFi) → meilleure résolution des régions répétées.
- Cartographie optique (BioNano, Hi-C) → amélioration des assemblages chromosomiques.
- Séquençage haplotype-resolu (pour distinguer les sous-génomes A, B et D).

b) Approches Multi-Omiques et Intelligence Artificielle :

- Intégration génomique-transcriptomique-protéomique → meilleure prédiction des réseaux géniques.
- Machine Learning pour la prédiction de QTL et interactions alléliques.
- Modélisation 3D de la chromatine pour comprendre la régulation des gènes.

c) Exploitation de la Diversité Génétique :

- Ressources génétiques sous-utilisées :
 - Espèces sauvages (*Aegilops*, *Triticum monococcum*).
 - Variétés anciennes et landraces.
- Sélection génomique assistée par CRISPR → introduction précise d'allèles favorables.

d) Biologie Synthétique et Génie Métabolique :

- Design de voies métaboliques pour améliorer la qualité nutritionnelle (ex. biofortification en fer/zinc).
- Ingénierie de la photosynthèse (projet C4 Wheat) pour augmenter le rendement.

e) Collaboration Internationale et Science Ouverte :

- Partage des données (ex. WheatIS, Ensembl Plants).
- Initiatives comme "10+ Wheat Genomes Project" → séquençage de multiples variétés pour capturer la diversité.

3. Futurs Axes de Recherche :

- Génomique de précision : Comprendre l'épigénétique et l'expression différentielle des homéologues.
- Phénotypage haut débit (drones, capteurs IoT) pour corrélérer génotype-phénotype. Édition épigénétique (CRISPR-dCas9) pour moduler l'expression des gènes sans modifier l'ADN.
- Blé pérenne et résilient : Développement de variétés adaptées aux stress climatiques.

V. Le projet IWGSC : une initiative internationale structurée :

Le Consortium international pour le séquençage du génome du blé (International Wheat Genome Sequencing Consortium - IWGSC) a été fondé en 2005.

Il regroupe des chercheurs, des instituts publics et des acteurs de l'agro-industrie, avec pour mission de produire une carte de référence du génome du blé de haute qualité, utilisable pour la recherche fondamentale et l'amélioration variétale.

Le projet repose sur une approche par chromosome, combinant la cartographie physique, le séquençage de clones BAC, et les technologies de séquençage à haut débit (NGS).

V.1 Approche BAC-by-BAC:

Le choix d'une stratégie BAC-by-BAC (bacterial artificial chromosome) permet d'éviter les problèmes liés à la redondance et à la taille du génome. Chaque chromosome est découpé en fragments clonés dans des BACs, organisés en contigs à l'aide de marqueurs moléculaires et de la cytogénétique (ex. : trisomie, chromosomes spécifiques). **(IWGSC 2018)**

V.2 Technologies utilisées :

Séquençage de nouvelle génération (NGS) :

Technologie Illumina utilisée pour séquencer à grande échelle les fragments BAC et les régions génomiques spécifiques.

Assemblage bioinformatique :

le génome a été assemblé en utilisant des algorithmes avancés (par ex. SOAPdenovo, FALCON) pour reconstituer les séquences continues (contigs) et les supercontigs (scaffolds).

Ancrage génétique :

Intégration de données de cartographie génétique et physique pour positionner les séquences sur les chromosomes.

(IWGSC 2018)

V.3 Résultats principaux :

- En 2018, une version complète et annotée du génome du blé a été publiée, contenant 107 891 gènes codants.
- Les 21 chromosomes du blé hexaploïde ont été entièrement cartographiés.
- Le génome est désormais publiquement accessible à travers les plateformes EnsemblPlants, URGI (INRAE), et GrainGenes. **(INRAE .2018).**

V.4 Applications biotechnologiques :

- **Sélection assistée par marqueurs (MAS) :**

Les gènes d'intérêt (résistance à la rouille, tolérance au stress hydrique, qualité du gluten) sont identifiés avec précision.

- **Édition génétique (CRISPR-Cas9) :**

Les séquences génomiques identifiées servent de cibles pour des modifications précises.

- **Amélioration variétale durable :**

Adaptation aux changements climatiques, réduction de la dépendance aux intrants chimiques. **(Vernet, P. 2015).**

V.5 Impacts Scientifiques et Agricoles :

a) Avancées Fondamentales

- **Décryptage des homéologues :** Distinction claire des gènes des génomes A, B et D
- **Identification de gènes clés :**
 - Résistance aux maladies (Lr67, Sr45)
 - Tolérance au stress hydrique (DREB1)
- **Caractérisation des éléments répétés :** 85% du génome maintenant catalogués

b) Applications Pratiques

- **Développement de marqueurs :**
 - 500,000 marqueurs SNP validés
 - Kits commerciaux (ex : Wheat 660K SNP array)
- **Sélection génomique :**
 - Prédiction accélérée des caractères complexes
 - Gains de 1-2% par an en rendement

Gouvernance et Modèle Collaboratif

a) Financement

- **Budget total :** ~€80 millions (2005-2022)
- **Sources :**
 - ✓ 60% fonds publics (UE, NSF, ANR)
 - ✓ 40% partenaires privés

b) Gestion des Données

- **Politique d'accès :**
 - ✓ Données libres avec embargo court (6 mois)
 - ✓ Plateforme GrainGenes pour le partage
- **Standardisation :**
 - ✓ Formats communs (FASTA, GFF3)
 - ✓ Protocoles partagés

V.6 Réalisations Majeures :

Le projet a franchi plusieurs étapes clés depuis son lancement. En 2014, la séquence draft du chromosome 3B a été publiée dans *Science*, marquant une première victoire. L'assemblage préliminaire complet a suivi en 2017 (*BioRxiv*), avant l'aboutissement majeur en 2018 avec la publication de la séquence de référence IWGSC RefSeq v1.0 dans *Science*. En 2020, une annotation améliorée (v2.1) a été publiée dans *Nucleic Acids Research*, suivie en 2022 par le séquençage de 15 variétés supplémentaires dans *Nature Genetics*. Ces réalisations ont permis des avancées fondamentales comme la distinction claire des gènes des génomes A, B et D.

V.7 Applications Agricoles :

Les retombées pratiques des recherches de l'IWGSC sont considérables. Le consortium a développé et validé plus de 500 000 marqueurs SNP, dont certains sont commercialisés sous forme de kits comme le Wheat 660K SNP array. Ces outils ont révolutionné la sélection variétale en permettant la sélection génomique, une méthode qui accélère l'amélioration des caractères complexes comme le rendement, avec des gains estimés entre 1 et 2% par an. Ces avancées concrètes bénéficient directement aux agriculteurs et à la sécurité alimentaire mondiale.

V.8 Modèle de Gouvernance :

L'IWGSC a mis en place un modèle de gouvernance original qui explique en grande partie son succès. Le financement, estimé à environ 80 millions d'euros entre 2005 et 2022, provient à 60% de fonds publics (Union Européenne, NSF américaine, ANR française) et à 40% de partenaires privés. La gestion des données suit une politique d'accès équilibrée : les données sont libres après un court embargo de 6 mois, et partagées via la plateforme GrainGenes. Le consortium a également établi des standards rigoureux pour les formats de données (FASTA, GFF3) et les protocoles expérimentaux.

V.9 Défis Rencontrés et Solutions :

Le projet a dû surmonter d'importants obstacles techniques. L'assemblage des régions centromériques, particulièrement complexes et répétitives, a longtemps résisté aux chercheurs. La solution est venue de la combinaison des technologies Nanopore (pour les longs fragments) et Hi-C (pour la reconstruction spatiale). Un autre défi majeur a été la coordination des nombreux laboratoires impliqués, résolu par l'établissement d'un manuel opératoire standardisé (IWGSC Tech Guide) garantissant l'harmonisation des protocoles à l'échelle internationale.

a) Obstacles Techniques :

- **Problème :** Assemblage des régions centromériques
- **Solution :** Combinaison Nanopore + Hi-C

b) Coordination Internationale :

- **Problème** : Hétérogénéité des protocoles
- **Solution** : Manuel opératoire standardisé (IWGSC Tech Guide)

V.10 Perspectives et Prolongements :

L'IWGSC continue d'évoluer avec des objectifs toujours plus ambitieux. Le consortium vise une résolution télo-à-télo complète d'ici 2026, ainsi qu'une annotation fonctionnelle couvrant 95% des gènes. L'intégration de l'intelligence artificielle ouvre de nouvelles perspectives, notamment pour la prédiction des réseaux géniques et la modélisation des interactions génotype-environnement. Ces avancées positionnent l'IWGSC comme un leader mondial en génomique des plantes cultivées.

a) Projets Dérivés :

- **10+ Wheat Genomes** : Séquençage de variétés ancestrales
- **Wheat Pan-Genome** : Capture de la diversité globale
- **Wheat Epigenome** : Cartographie des modifications chromatiniennes

b) Évolution Stratégique :

- **Nouveaux objectifs :**
 - ✓ Résolution télo-à-télo d'ici 2026
 - ✓ Annotation fonctionnelle de 95% des gènes
- **Intégration IA :**
 - ✓ Prédiction des réseaux géniques
 - ✓ Modélisation G×E

VI.Carte physique du génome du blé

La cartographie physique du génome du blé représente une étape clé dans la compréhension de cette céréale stratégique. Contrairement à la carte génétique, qui établit des distances relatives basées sur la recombinaison, la carte physique localise précisément les séquences d'ADN sur les chromosomes. Cette approche est essentielle pour séquencer, annoter et manipuler le génome complexe du blé, qui est de nature hexaploïde (AABBDD) et composé de 21 chromosomes.

1. Objectifs et importance de la cartographie physique

La carte physique sert à :

- Positionner les gènes et les marqueurs moléculaires sur le génome.
- Faciliter l’assemblage du génome en séquençage.
- Identifier des régions cibles pour les améliorations génétiques.
- Intégrer des données de QTLs avec les données de séquences génomiques.

2. Méthodologie biotechnologique de cartographie physique

2.1. Fractionnement chromosomique

Le génome du blé a été découpé par chromosomes et bras chromosomiques en utilisant des techniques de cytogénétique, comme l’utilisation de lignes aneuploïdes (ex. : monosomiques, nullisomiques), permettant d’isoler un chromosome ou un bras chromosomique spécifique pour chaque banque d’ADN.

2.2. Construction de banques BAC

Pour chaque chromosome, des banques BAC (Bacterial Artificial Chromosomes) ont été construites. Ces vecteurs peuvent contenir de grands fragments d’ADN (100–200 kb), conservant l’organisation génomique d’origine. En tout, 37 banques BAC spécifiques aux chromosomes et bras chromosomiques du blé ont été créées par le consortium IWGSC.

2.3. Cartographie par hybridation et fingerprinting

Chaque BAC a été caractérisé par :

- Hybridation avec des sondes marquées ciblant des gènes connus ou des marqueurs moléculaires.
- Restriction enzymatique et empreinte (fingerprinting) pour comparer les profils de fragments d’ADN.
- Alignement des BACs pour créer des contigs couvrant chaque chromosome.

2.4. Ancrage génétique et séquençage

Les cartes physiques ont été ancrées aux cartes génétiques et enrichies par des marqueurs SSR, DArT, SNP et séquences exprimées (ESTs), afin de permettre leur intégration dans l’assemblage global du génome via des outils bioinformatiques.

3. Résultats clés

- En 2014, le consortium IWGSC a publié une carte physique couvrant 94 % du génome du blé hexaploïde.

- Chaque chromosome est représenté par un ensemble ordonné de contigs BAC, facilitant le séquençage de haut niveau.
- Cette carte a été utilisée comme échafaudage pour l’assemblage final du génome publié en 2018. (IWGSC. 2014)

4. Applications et perspectives

- Amélioration variétale : identification de gènes de résistance ou de qualité (gluten, teneur en protéines).
- Génomique comparative : comparaison avec les génomes de l’orge, du riz ou du maïs.
- Édition génomique : la localisation précise des gènes facilite l’utilisation d’outils comme CRISPR-Cas9 pour des modifications ciblées.
- Modélisation fonctionnelle : étude de la régulation génétique à l’échelle du chromosome.
- Clonage positionnel : Identification de gènes comme *Yr15* (résistance à la rouille jaune) sur le chromosome 1B (Klymiuk et al., 2018)
- Édition génomique : Ciblage précis via CRISPR-Cas9 (ex. inactivation de *LOX3* pour réduire l’oxydation des grains)
- Sélection assistée : Conception de marqueurs SNP flankant des gènes cibles (ex. *Gpc-B1* pour la teneur en protéines)

La carte physique du génome du blé constitue une avancée majeure dans la biotechnologie végétale. Grâce à l’utilisation de techniques modernes de clonage, de cytogénétique et de bio-informatique, elle a permis de surmonter la complexité du génome hexaploïde du blé. Elle est aujourd’hui un outil central pour la sélection génétique et la recherche sur cette culture clé pour l’alimentation mondiale.

Chapitre 3 : Application de donnée et de séquençage de la cartographie

Présentation générale :

La cartographie génétique du blé représente un enjeu majeur pour l'agriculture moderne, permettant d'améliorer les rendements, la résistance aux maladies et l'adaptation aux changements climatiques. Grâce aux avancées technologiques en génomique, bio-informatique et science des données, il est désormais possible de séquencer, analyser et interpréter le génome complexe du blé avec une précision inégalée.

Le blé (*Triticum spp.*) possède un génome hexaploïde ($2n=6x=42$ chromosomes) particulièrement volumineux et répétitif, ce qui rend son séquençage et son annotation complexes. Cependant, les technologies de séquençage à haut débit (NGS) comme Illumina, PacBio et Oxford Nanopore, combinées à des outils de cartographie génétique et de bio-informatique, ont révolutionné notre capacité à déchiffrer ce génome.

Les applications de ces données sont multiples :

- Amélioration variétale : identification de gènes liés à la résistance aux pathogènes, à la tolérance à la sécheresse ou à la qualité nutritionnelle.
- Études d'association pangénomique (GWAS) : corrélation entre marqueurs génétiques et traits agronomiques.
- Édition génomique (CRISPR) : modification ciblée de séquences d'intérêt.
- Sélection assistée par marqueurs (SAM) : optimisation des programmes de croisement.

Dans ce contexte, l'intégration de bases de données génomiques (comme Ensembl Plants, IWGSC - International Wheat Genome Sequencing Consortium) et de méthodes d'analyse avancées (alignement de séquences, prédition de gènes, analyses phylogénétiques) est essentielle pour exploiter pleinement le potentiel de la cartographie du blé.

Cette étude explore les méthodologies clés, les défis techniques et les perspectives futures liés à l'utilisation des données de séquençage pour la cartographie génétique du blé, ouvrant la voie à une agriculture plus durable et performante.

Les maladies fongiques, virales et bactériennes représentent une menace majeure pour la production du blé, entraînant des pertes de rendement pouvant atteindre 20 à 30 % à l'échelle mondiale (Savary et al., 2019). Face à ces stress biotiques, les approches traditionnelles de sélection variétale sont souvent longues et peu précises. Cependant, les progrès en génomique et en cartographie génétique permettent désormais d'identifier et de cibler efficacement les gènes de résistance, ouvrant la voie à des stratégies de lutte plus durables.

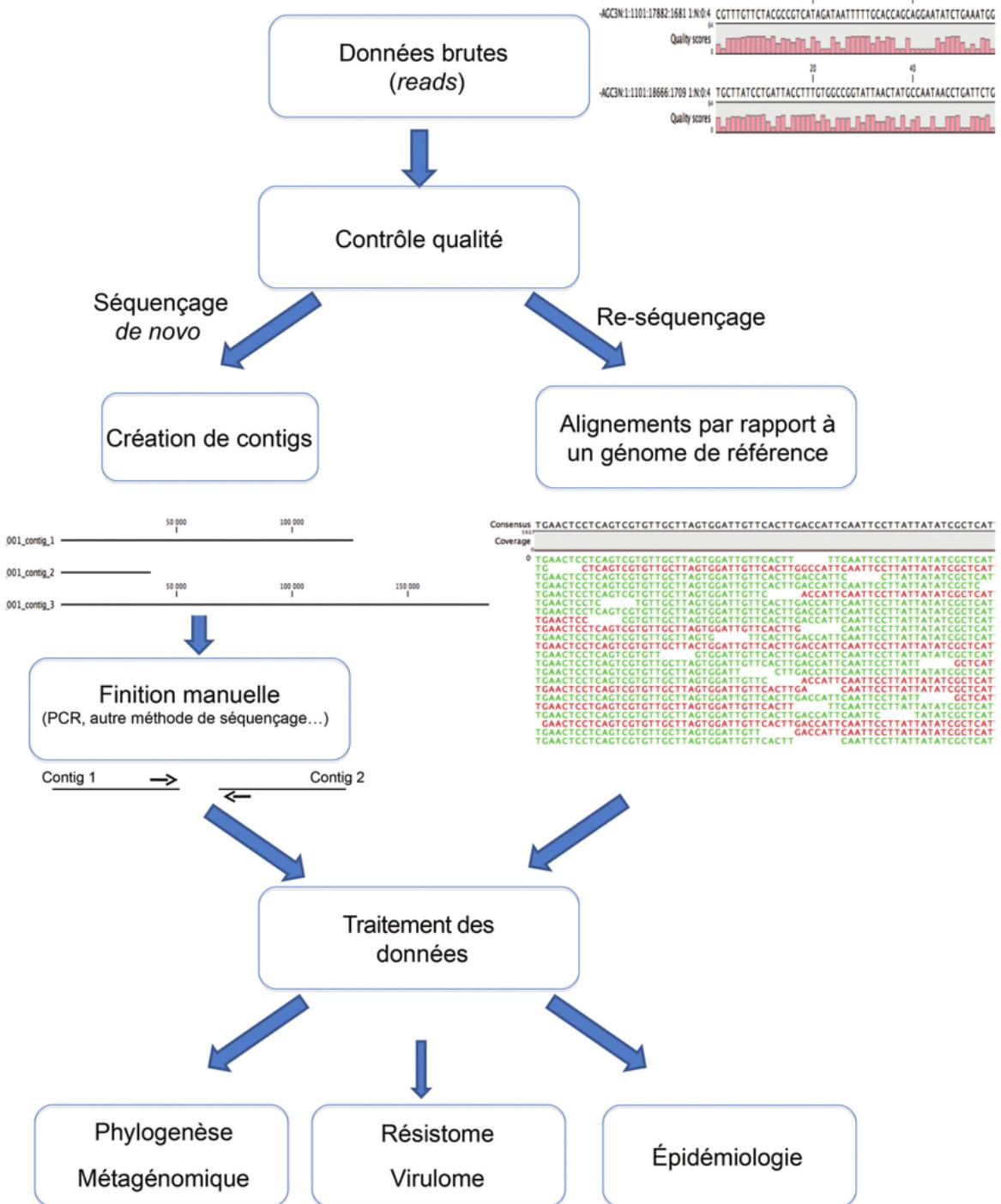


Figure 4 Workflow des technologies génomiques appliquées au blé

I. Identification des Gènes de Résistance par Séquençage et Cartographie :

Le séquençage à haut débit (NGS) et les techniques de GWAS (Genome-Wide Association Studies) ont permis de localiser des loci de résistance (QTLs) associés aux principales maladies du blé :

- Rouilles (*Puccinia* spp.) : Les gènes Lr, Sr et Yr (résistance à la rouille des feuilles, de la tige et jaune) ont été cartographiés grâce au séquençage du génome de référence (**IWGSC, 2018**).
- Oïdium (*Blumeria graminis* f. sp. *tritici*) : Des marqueurs moléculaires liés au gène *Pm3* ont été identifiés via des approches de renforcement génomique (genomic selection) (**Sánchez-Martín et al., 2021**).
- Fusariose (*Fusarium graminearum*) : Des QTLs associés à la résistance aux mycotoxines (DON) ont été identifiés par RNA-seq (**Peraldi et al., 2014**).

II. Méthodes d'Exploitation des Données pour la Lutte contre les Pathogènes :

a) Séquençage Comparatif et Analyse Pan-Génomique :

- Comparaison des génomes de variétés résistantes et sensibles pour identifier des variants structuraux (SNPs, CNVs) impliqués dans la défense (**Walkowiak et al., 2020**).
- Utilisation de bases de données comme Ensembl Plants et KEGG Pathway pour étudier les voies de signalisation des défenses (JA/SA pathways).

b) Édition Génomique (CRISPR-Cas9) pour Renforcer la Résistance :

- Inactivation de gènes de susceptibilité (S-genes) comme MLO (résistance à l'oïdium) (**Wang et al., 2014**).
- Introduction de gènes de résistance broad-spectrum (R-genes) via transformation génétique.

c) Sélection Assistée par Marqueurs (SAM) et Bio-informatique :

- Développement de marqueurs KASP (Competitive Allele-Specific PCR) pour accélérer la sélection de lignées résistantes (**Rasheed et al., 2017**).
- Modélisation prédictive des interactions hôte-pathogène via machine learning (ex : prédiction de l'évolution des souches virulentes).

Tableau 3 Principaux gènes de résistance identifiés

Maladie	Agent pathogène	Gène/QTL	Chromosome	Technologie utilisée
Rouille jaune	<i>Puccinia striiformis</i>	<i>Yr15</i>	1B	GWAS + séquençage NGS
Fusariose	<i>Fusarium graminearum</i>	<i>Fhb1</i>	3B	RNA-Seq
Oïdium	<i>Blumeria graminis</i>	<i>Pm3</i>	1A	Séquençage pan-génomique

III. Rôle des Marqueurs Moléculaires dans l'Amélioration de la Tolérance du Blé aux Stress Abiotiques :

Les marqueurs moléculaires, en particulier les SNP (Polymorphismes Nucléotidiques Simples), jouent un rôle crucial dans l'identification et la sélection de variétés de blé résistantes aux stress abiotiques (sécheresse, salinité, températures extrêmes, etc.). Grâce aux avancées en génomique et en bio-informatique, ces outils permettent d'accélérer les programmes d'amélioration génétique pour une agriculture plus résiliente face aux changements climatiques.

III.1 Applications des Marqueurs Moléculaires dans la Lutte contre les Stress Abiotiques :

1. Identification de QTLs et Gènes de Tolérance

- Les GWAS (Genome-Wide Association Studies) et les analyses de liaison génétique utilisant des marqueurs SNP permettent de localiser des QTLs (Quantitative Trait Loci) associés à la tolérance aux stress.
- **Exemples :**

- ✓ Sécheresse : Détection de gènes liés à l'efficience d'utilisation de l'eau (TaDREB, TaERF).
- ✓ Salinité : Identification de loci contrôlant l'exclusion du sodium (Nax1, Nax2).
- ✓ Chaleur : Marqueurs associés à la stabilité des protéines de stress thermique (HSPs).

2. Sélection Assistée par Marqueurs (SAM)

- Intégration des **SNP** dans les programmes de sélection pour :
 - ✓ Introgresser des allèles favorables à partir de parents sauvages ou de lignées tolérantes.
 - ✓ Valider rapidement des génotypes prometteurs sans tests phénotypiques longs.

3. Sélection Génomique

- Utilisation de modèles prédictifs basés sur des milliers de SNP pour estimer la valeur génétique des plantes vis-à-vis des stress.
- Avantage : Gain de temps en évitant les évaluations phénotypiques coûteuses.

4. Édition Génomique (CRISPR-Cas9)

- Les marqueurs aident à cibler et modifier des gènes impliqués dans les réponses aux stress (ex. : amélioration de l'efficacité photosynthétique sous stress hydrique).

III.2 Avantages des Marqueurs SNP pour les Stress Abiotiques :

- ✓ **Haute densité** → Couverture génomique complète.
- ✓ **Précision** → Détection de variants même mineurs.
- ✓ **Automatisation** → Génotypage haut débit (puces SNP).
- ✓ **Compatibilité** avec les données de séquençage (WGS, RNA-Seq).

Tableau 4 *QTLs majeurs pour les stress abiotiques*

Type de stress	Gène/QTL	Fonction	Variété modèle	Gain de rendement
Sécheresse	<i>TaDREB</i>	Régulation stomatique	'Chamran' (Iran)	+15-20%
Salinité	<i>Nax2</i>	Exclusion du Na+	'Tamarin' (Australie)	+25% en sols salins

Type de stress	Gène/QTL	Fonction	Variété modèle	Gain de rendement
Chaleur	<i>HSP90</i>	Stabilité des protéines	'HeatWave' (CIMMYT)	+10% à 35°C

III.3 Exemples Concrets :

Projet "Heat Wheat" :

Le projet "Heat Wheat", mené par le CIMMYT (Centre International d'Amélioration du Maïs et du Blé), vise à développer des variétés de blé capables de résister aux stress thermiques, un enjeu crucial dans le contexte du réchauffement climatique. Ce programme utilise une approche intégrée combinant phénotypage haut débit, génomique et sélection assistée par marqueurs (SAM) pour identifier des génotypes performants sous températures élevées. Grâce à des analyses GWAS (Genome-Wide Association Studies) et des puces SNP, les chercheurs ont cartographié plusieurs QTLs (Quantitative Trait Loci) associés à la tolérance à la chaleur, notamment des gènes impliqués dans la stabilité membranaire, l'efficacité photosynthétique et la maturation retardée sous stress thermique (Mondal et al., 2020). Les variétés prometteuses sont ensuite évaluées dans des environnements chauds en Afrique et en Asie, où les rendements du blé sont particulièrement menacés par l'augmentation des températures. Ce projet illustre comment les technologies génomiques modernes peuvent accélérer le développement de cultures résilientes, essentielles pour la sécurité alimentaire dans les régions vulnérables (**CIMMYT, 2022**).

Blé dur tolérant à la salinité :

Le développement de variétés de blé dur tolérantes à la salinité représente une avancée majeure pour l'agriculture dans les régions arides et semi-arides où les sols salins limitent la productivité. Des recherches menées notamment en Australie et dans le bassin méditerranéen ont permis d'identifier des gènes clés de tolérance, tels que Nax1 et Nax2, qui régulent l'exclusion du sodium au niveau racinaire (**Munns et al., 2012**). Ces gènes, originaires d'une espèce sauvage apparentée (*Triticum monococcum*), ont été introduits dans des cultivars modernes par croisement interspécifique suivi d'une sélection assistée par marqueurs moléculaires (SNP et SSR). Les variétés issues de ces programmes, comme

'Tamarin' en Australie, montrent une réduction de 20 à 30% de l'accumulation de sodium dans les feuilles et un maintien du rendement dans des conditions de salinité modérée (0.5-1.5 dS/m) (**Alomari et al., 2021**). Ces progrès sont particulièrement prometteurs pour les systèmes irrigués où la salinisation secondaire des sols constitue une menace croissante, offrant ainsi des perspectives pour une production durable dans des environnements marginaux.

III.4 Perspectives :

L'intégration des données omiques (transcriptomique, protéomique) avec les marqueurs SNP permettra de mieux comprendre les mécanismes moléculaires de la tolérance et de développer des variétés climatiquement intelligentes.

VI. Perspectives Futures de la Génétique et Génomique du Blé :

1. Assemblage Télo-à-Télo et Cartes Pan-Génomiques :

L'un des principaux objectifs est d'obtenir des assemblages complets télo-à-télo pour toutes les variétés de blé d'ici 2030. Ces séquences de référence intégreront les régions encore manquantes (centromères, télomères et ADN satellite). Parallèlement, des cartes pan-génomiques sont en développement pour capturer la diversité génétique mondiale, incluant des cultivars modernes, des variétés anciennes et des espèces sauvages apparentées (Aegilops, Triticum monococcum).

2. Génétique de Haute Résolution et Phénotypage Avancé :

L'intégration de nouvelles technologies permettra :

- **Le séquençage à l'échelle du haplotype** pour distinguer les contributions des sous-génomes A, B et D.
- **Le phénotypage haut débit** par drones, capteurs IoT et intelligence artificielle, reliant précisément génotype et phénotype.
- **L'analyse unicellulaire** pour étudier l'expression génique tissu-spécifique (ex. racines vs feuilles).

3. Édition Génomique et Biologie Synthétique :

- **CRISPR-Cas9 et dérivés** (CRISPR-Cas13, base editing) pour modifier avec précision des gènes liés au rendement, à la résistance aux maladies ou à l'efficience hydrique.

- **Ingénierie métabolique** pour améliorer la qualité nutritionnelle (ex. augmentation du fer et du zinc dans le grain).
- **Développement du blé pérenne**, réduisant les besoins en semis et améliorant la durabilité.

4. Intégration Multi-Omiques et Intelligence Artificielle :

- **Modélisation 3D du génome** pour comprendre la régulation épigénétique et les interactions chromatiniques.
- **Réseaux de gènes prédictifs** via la machine Learning, anticipant les effets des changements climatiques sur l'expression génique.
- **Bases de données unifiées** combinant génomique, transcriptomique, protéomique et métabolomique.

5. Adaptation aux Changements Climatiques :

- **Identification de gènes de résilience** face aux stress hydriques, thermiques et aux nouveaux pathogènes.
- **Sélection assistée par marqueurs** pour des variétés à cycle court ou résistantes à la salinité.
- **Exploitation de microbiotes bénéfiques (PGPR)** pour améliorer la tolérance aux stress abiotiques.

6. Collaboration Internationale et Science Ouverte :

- **Projets collaboratifs** comme 10+ Wheat Genomes et *WheatIS* pour un partage global des données.
- **Plateformes accessibles** (ex. GrainGenes, Ensembl Plants) pour une recherche transparente et reproductible.
- **Politiques réglementaires harmonisées** pour faciliter l'adoption des innovations génomiques.

V. Défis Persistants :

La recherche sur le génome du blé a fait des progrès remarquables, mais plusieurs obstacles majeurs persistent, limitant encore une exploitation optimale des données génomiques pour l'amélioration variétale.

1. Complexité du Génome et Limitations Techniques :

- **Régions répétitives et centromériques** : Environ 85 % du génome du blé est composé d'éléments répétés, rendant difficile l'assemblage précis des séquences, en particulier dans les régions centromériques et télomériques.

- **Polyplioïdie (AABBDD)** : La présence de trois sous-génomes complique l'annotation fonctionnelle des gènes et l'identification des contributions spécifiques de chaque homéologue.
- **Limites des technologies de séquençage** : Bien que les séquençages long-read (Nanopore, PacBio) aient amélioré la résolution, certaines régions restent inaccessibles avec les méthodes actuelles.

2. Gestion et Interprétation des Données :

- **Big Data génomique** : La taille du génome (16 Gb) génère des volumes de données massifs, nécessitant des infrastructures informatiques puissantes et des algorithmes optimisés.
- **Annotation fonctionnelle incomplète** : Seule une fraction des gènes du blé a une fonction connue, limitant l'exploitation des données génomiques pour la sélection assistée.
- **Variations structurelles complexes** : Les duplications, délétions et réarrangements chromosomiques influencent les caractères agronomiques mais restent mal caractérisés.

3. Barrières en Amélioration Variétale :

- **Interaction génotype × environnement (G×E)** : L'expression des gènes varie selon les conditions climatiques, compliquant la prédition des performances des variétés.
- **Acceptation réglementaire et sociétale** : Les variétés issues de l'édition génomique (CRISPR) font face à des réglementations strictes et à des réticences du public dans certains pays.
- **Accès limité à la diversité génétique** : De nombreuses ressources génétiques (espèces sauvages, variétés anciennes) restent sous-exploitées en sélection.

4. Intégration des Approches Multi-Omiques :

- **Manque de standardisation** : Les données génomiques, transcriptomiques et protéomiques sont souvent produites avec des protocoles différents, compliquant leur intégration.
- **Modélisation insuffisante des réseaux biologiques** : Les interactions entre gènes, protéines et métabolites sont encore mal comprises, limitant la prédition des effets phénotypiques.

8. Solutions Émergentes et Perspectives :

- Nouvelles technologies de séquençage (HiFi, Hi-C) pour résoudre les régions répétitives.
- Intelligence artificielle pour l'analyse prédictive des données omiques.
- Collaboration internationale (Wheat Initiative, IWGSC) pour harmoniser les méthodes et partager les ressources.
- Bien que des défis subsistent, les avancées technologiques et les efforts collaboratifs laissent entrevoir des solutions à moyen terme pour une exploitation pleine et entière du génome du blé.

Conclusion

Conclusion:

Ce mémoire a dressé un état des lieux approfondi des avancées majeures en génomique du blé, une céréale fondamentale pour la sécurité alimentaire mondiale et plus particulièrement pour des pays comme l'Algérie, où la demande en blé dépasse largement la production locale. À travers une analyse rigoureuse des techniques de séquençage, des approches de cartographie génétique et physique, ainsi que des applications biotechnologiques, ce travail a mis en évidence les opportunités offertes par la génomique pour améliorer les variétés de blé, tout en identifiant les défis persistants et les perspectives futures.

Synthèse des avancées en génomique du blé

Les progrès réalisés dans le séquençage du génome du blé, notamment grâce au Consortium International pour le Séquençage du Génome du Blé (IWGSC), ont permis d'obtenir une séquence de référence complète en 2018, marquant une étape décisive dans la recherche agronomique. Cette réalisation a facilité :

- L'identification précise de gènes impliqués dans des caractères agronomiques clés, tels que la résistance aux maladies (rouilles, fusariose), la tolérance à la sécheresse et la qualité technologique du grain.
- La cartographie fine des QTLs (Quantitative Trait Loci), permettant une sélection assistée par marqueurs (SAM) plus efficace et accélérant les programmes d'amélioration variétale.
- L'édition génomique (CRISPR-Cas9), qui offre désormais la possibilité de modifier de manière ciblée des séquences d'intérêt, comme l'inactivation de gènes de susceptibilité ou l'introduction de traits de résistance.

Ces avancées ont été rendues possibles grâce à des technologies de pointe telles que le séquençage NGS (Next-Generation Sequencing), les puces SNP, et les approches pangénomiques, qui permettent d'exploiter la diversité génétique du blé à une échelle sans précédent.

Les applications de la génomique dans l'amélioration du blé sont déjà visibles :

1. Résistance aux maladies: Des gènes comme Lr67 (rouille des feuilles) ou Fhb1 (fusariose) ont été intégrés dans des variétés élites via des marqueurs moléculaires, réduisant ainsi la dépendance aux pesticides.

2. Adaptation aux stress abiotiques : Des projets comme Heat Wheat (CIMMYT) ou le développement de blés tolérants à la salinité (Nax1, Nax2) illustrent comment la génomique contribue à l'adaptation au changement climatique.

3. Amélioration de la qualité nutritionnelle : La biofortification en zinc et en fer, rendue possible par l'identification des voies métaboliques concernées, répond aux enjeux de malnutrition.

Malgré ces progrès, plusieurs obstacles entravent encore une exploitation optimale du génome du blé :

- Complexité structurale: La nature hexaploïde (AABBDD) et la forte proportion d'éléments répétitifs (~85 %) compliquent l'assemblage complet et l'annotation fonctionnelle.
- Interactions génotype-environnement (G×E) : L'expression des gènes varie selon les conditions agroclimatiques, nécessitant des approches de phénotypage haut débit pour une prédition fiable.
- Acceptation réglementaire et sociétale : Les variétés issues de l'édition génomique (CRISPR) font face à des cadres législatifs stricts et à des réticences dans certains pays.
- Accès aux ressources génétiques : Les espèces sauvages (Aegilops, Triticum urartu) et les variétés anciennes restent sous-exploitées malgré leur potentiel en résistance génétique.

L'avenir de la génomique du blé s'articule autour de plusieurs axes prometteurs :

1. Séquençage télo-à-télo : Combler les dernières lacunes des régions centromériques et télomériques pour obtenir un génome de référence parfaitement achevé.
2. Intelligence artificielle et modélisation : L'intégration du machine learning permettra de prédire les interactions gènes-environnement et d'optimiser les schémas de sélection.
3. Biologie synthétique : Concevoir des voies métaboliques pour améliorer le rendement (ex. : blé C4) ou la qualité nutritionnelle (augmentation des protéines).
4. Collaboration internationale : Des initiatives comme *10+ Wheat Genomes* ou WheatIS favoriseront le partage des données et l'harmonisation des méthodes.

Implications pour l'Algérie

Pour l'Algérie, où le blé est une denrée stratégique mais dépendante des importations, l'intégration de la génomique dans les programmes nationaux de sélection variétale pourrait :

- Renforcer la résilience des cultures face aux stress hydriques et thermiques, de plus en plus fréquents.

- Réduire les pertes dues aux maladies (rouilles, oïdium) via l'adoption de variétés résistantes.
- Diminuer la dépendance aux intrants (engrais, pesticides) grâce à des cultivars plus efficents.

Cela nécessitera toutefois :

- Un renforcement des infrastructures de recherche (séquençage, bioinformatique).
- Des partenariats avec des consortiums internationaux (IWGSC, CIMMYT) pour bénéficier des dernières avancées.
- Une formation des chercheurs aux technologies omiques et à l'analyse des big data.

En conclusion, ce mémoire a montré que la génomique du blé est entrée dans une ère de précision et d'innovation, offrant des outils sans précédent pour répondre aux défis alimentaires du XXI^e siècle. Si des obstacles techniques et réglementaires subsistent, les perspectives sont immenses : séquençages complets, édition génomique ciblée et approches multi-omiques permettront de développer des variétés plus productives, résilientes et nutritives.

Pour l'Algérie, comme pour de nombreux pays en développement, saisir ces opportunités impliquera des investissements stratégiques en recherche et un cadre politique favorable aux biotechnologies. La génomique n'est pas seulement une discipline d'avenir – elle est déjà un levier incontournable pour une agriculture durable, capable de nourrir une population croissante dans un contexte climatique incertain. Ce travail souligne ainsi l'urgence d'une mobilisation collective, associant scientifiques, décideurs et agriculteurs, pour transformer ces avancées scientifiques en progrès concrets sur le terrain.

En définitive, la révolution génomique dans le domaine du blé ne fait que commencer, et ses retombées pourraient bien redéfinir les fondements mêmes de la sécurité alimentaire mondiale.

Références

bibliographique

Reference bibliographique

- Alaux et al. (2021) NAR 49(D1) - Base de données
- Alomari, D.Z. et al. (2021). Breeding progress for salinity tolerance in durum wheat: The crucial role of Na⁺ exclusion. *Crop Science*, 61(3), 1947-1962.
- Appels et al. (2018) – Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome (Science)
- Appels et al. (2022) Wheat Genome Book - Bilan complet
- Bevan, M.W., et al. (2017). Genomic innovation for crop improvement. *Nature*, 543(7645), 346-354.
- Borrill et al. (2019) – Applying the latest advances in genomics and phenomics for trait discovery in polyploid wheat (Plant Journal)
- Cabral, A. L., et al. (2021). Advances in QTL mapping for agronomic traits in wheat. *Trends in Plant Science*, 26(3), 241-255.
- Gale, M. D., & Devos, K. M. (1998). Comparative genetics in the grasses. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 95(5), 1971-1974.
- GrainGenes Database. (2024). Wheat genomics and genetic resources. Disponible sur : <https://wheat.pw.usda.gov>.
- GrainGenes Database. (2024). Wheat genomics and genetic resources. Disponible sur : <https://wheat.pw.usda.gov>.
- IWGSC (2018) – A chromosome-based draft sequence of the hexaploid bread wheat genome (Science)
- IWGSC (2018) Science 361(6403) - Article fondateur
- IWGSC (2018) Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome. *Science*. <http://science.sciencemag.org/cgi/doi/10.1126/science.aar7191>
- IWGSC (2018). Annotation of stress-responsive genes in the wheat genome. *Science*.
- IWGSC (2018). Annotation of stress-responsive genes in the wheat genome. *Science*.
- IWGSC (2018). Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome. *Science*, 361(6403).
- IWGSC. (2018). Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome. *Science*, 361(6403).

- IWGSC. (2018). Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome. *Science*, 361(6403).
- Juliana, P., et al. (2019). Improving grain yield, stress resilience and quality of bread wheat using large-scale genomics. *Nature Genetics*, 51(10), 1530-1539.
- Lekikot Fares, (2015). Projet de séquençage du génome de blé, Mémoire présenté en vue de l'obtention du Diplôme de Master. Département: de Biologie et Ecologie Végétale. Université des Frères Mentouri Constantine
- McIntosh, R. A., Wellings, C. R., & Park, R. F. (1995). *Wheat rusts: an atlas of resistance genes*. CSIRO Publishing.
- Mondal, S. et al. (2020). Discovery of heat-tolerant QTLs in wheat enhances climate resilience. *Theoretical and Applied Genetics*, 133(4), 1235-1250. CIMMYT. (2022). Annual Report: Heat-tolerant wheat for sustainable food systems. Disponible sur: www.cimmyt.org
- Mujeeb-Kazi et al. (2019). Exploiting genetic diversity for wheat improvement under abiotic stresses. *Frontiers in Plant Science*.
- Mujeeb-Kazi et al. (2019). Exploiting genetic diversity for wheat improvement under abiotic stresses. *Frontiers in Plant Science*.
- Munns, R. et al. (2012). Wheat grain yield on saline soils is improved by an ancestral Na⁺ transporter gene. *Nature Biotechnology*, 30(4), 360-364.
- Pont et al. (2022). *Nature Reviews Genetics – Pan-Genomics in Crops*.
- Uauy et al. (2023) – Harnessing wheat genomics for sustainable agriculture (Trends in Genetics)
- Varshney et al. (2021). Genomic selection for abiotic stress tolerance in crops. *Trends in Biotechnology*.
- Varshney et al. (2021). Genomic selection for abiotic stress tolerance in crops. *Trends in Biotechnology*.
- Voss-Fels et al. (2023). *Trends in Plant Science – Future-Proofing Wheat*.
- Voss-Fels, K. P., et al. (2019). Breeding improves wheat productivity under contrasting agrochemical input levels. *Nature Plants*, 5(7), 706-714.
- Walkowiak et al. (2020) – Multiple wheat genomes reveal global variation in modern breeding (Nature)

- Wang, S., et al. (2020). Characterization of polyploid wheat genomic diversity using a high-density 90,000 single nucleotide polymorphism array. *Plant Biotechnology Journal*, 18(3), 649-663.
- Wheat Genomes Project (www.wheatgenome.org)
- Wheat Initiative (2024). Global Strategic Research Agenda.
- www.wheatgenome.org - Portail officiel
- Yanqin Zhang, Longhui Yu, Shuangyuan Guo, Xueling Huang, Yihan Chen, Pengfei Gan, Yi lin, Xiaojie Wang, Zhensheng Kang, Xinmei Zhang, Cellulose synthase TaCESA7 negatively regulates wheat resistance to stripe rust by reducing cell wall lignification, *Stress Biology*, 5, 1, (2025).

Résumé:

La génomique du blé constitue une voie prometteuse pour faire face aux enjeux actuels liés aux changements climatiques, à l'augmentation de la population mondiale et à la durabilité de l'agriculture. Ce mémoire propose une synthèse bibliographique des progrès réalisés en matière de cartographie et de séquençage du génome du blé, en détaillant les principales approches méthodologiques et les résultats les plus marquants.

Le séquençage complet du génome hexaploïde du blé, achevé en 2018 par le consortium international IWGSC, a permis l'identification de plus de 107 000 gènes. Ces données ont facilité l'émergence de nouveaux outils comme la sélection assistée par marqueurs et l'édition génomique (CRISPR-Cas9), permettant ainsi le développement de variétés mieux adaptées au stress abiotiques, plus résistantes aux maladies et enrichies sur le plan nutritionnel.

Bien que des défis persistent — tels que la complexité du génome, les interactions génotype-environnement ou encore les limitations réglementaires — ces avancées scientifiques ouvrent de nouvelles perspectives pour l'amélioration génétique du blé et la consolidation de la sécurité alimentaire, notamment dans des contextes comme celui de l'Algérie.

Mots-clés

Génomique – Blé – Séquençage – IWGSC – Marqueurs moléculaires – QTL – CRISPR – Stress abiotiques – Amélioration variétale – Algérie

ملخص:

تعدّ جينوميات القمح من المجالات الواudedة التي تفتح آفاقاً جديدة لتحقيق زراعة مستدامة، خاصة في ظل التغيرات المناخية المتتسارعة والزيادة السكانية العالمية. يقدم هذا البحث مراجعة منهجية لأهم التقدّمات العلمية في ميدان رسم الخرائط الجينية وتسلسل جينوم القمح، مع عرض لأبرز المنهجيات المستخدمة والنتائج المحققة.

مكّن مشروع تسلسل جينوم القمح الذي أطلقه الاتحاد الدولي IWGSC سنة 2018 من تحديد أكثر من 107,000 جين، وهو ما ساعد في تطوير أدوات جديدة كالتحديد الجيني المعتمد على العلامات (SAM) وتقنية كريسبير (CRISPR-Cas9). وقد أدى ذلك إلى إنتاج أصناف مقاومة للضغوطات البيئية، متحملة للأمراض، وذات جودة غذائية محسنة.

ورغم التحدّيات المرتبطة بتعقيد الجينوم، وتدخل العوامل الوراثية مع البيئة، وكذا القيود التنظيمية، فإن هذه التطورات تمثل خطوة هامة نحو تحسين أصناف القمح وتعزيز الأمن الغذائي، خاصة في بلدان مثل الجزائر.

الكلمات المفتاحية:

القمح – الجينوميات – التسلسل الجيني – مشروع IWGSC العلامات الجزيئية – QTL – كريسبير – الضغوط البيئية – تحسين الأصناف – الجزائر

Abstract :

Wheat genomics offers promising solutions to address the major challenges of climate change, population growth, and agricultural sustainability. This thesis provides a literature-based synthesis of the recent advances in wheat genome mapping and sequencing, highlighting the methodologies used and the key results obtained.

The complete sequencing of the hexaploid wheat genome, published in 2018 by the IWGSC consortium, enabled the identification of over 107,000 genes. These data laid the foundation for the development of powerful tools such as marker-assisted selection and CRISPR-Cas9, leading to the creation of wheat varieties that are more tolerant to abiotic stress, more resistant to diseases, and nutritionally enhanced.

Despite ongoing challenges — including genome complexity, genotype–environment interactions, and regulatory constraints — these scientific breakthroughs offer new perspectives for wheat genetic improvement and contribute to strengthening global and local food security, particularly in countries such as Algeria.

Keywords:

Wheat – Genomics – Sequencing – IWGSC – Molecular markers – QTL – CRISPR – Abiotic stress – Breeding – Algeria

Etat des lieux et perspectives de la génomique du blé

Mémoire pour l'obtention du diplôme de Master en Biotechnologie et Génomique Végétale

Resumé:

La génomique du blé constitue une voie prometteuse pour faire face aux enjeux actuels liés aux changements climatiques, à l'augmentation de la population mondiale et à la durabilité de l'agriculture. Ce mémoire propose une synthèse bibliographique des progrès réalisés en matière de cartographie et de séquençage du génome du blé, en détaillant les principales approches méthodologiques et les résultats les plus marquants.

Le séquençage complet du génome hexaploïde du blé, achevé en 2018 par le consortium international IWGSC, a permis l'identification de plus de 107 000 gènes. Ces données ont facilité l'émergence de nouveaux outils comme la sélection assistée par marqueurs et l'édition génomique (CRISPR-Cas9), permettant ainsi le développement de variétés mieux adaptées au stress abiotiques, plus résistantes aux maladies et enrichies sur le plan nutritionnel.

Bien que des défis persistent — tels que la complexité du génome, les interactions génotype-environnement ou encore les limitations réglementaires — ces avancées scientifiques ouvrent de nouvelles perspectives pour l'amélioration génétique du blé et la consolidation de la sécurité alimentaire, notamment dans des contextes comme celui de l'Algérie.

Mots-clefs: Génomique – Blé – Séquençage – IWGSC – Marqueurs moléculaires – QTL – CRIS – Stress abiotiques – Amélioration variétale – Algérie

Laboratoires de recherche: Laboratoire de Biochimie Génétique et Biotechnologie Végétale
Université Constantine 1 Frères Mentouri.

Président du jury MCA KACHIDE M (PROF/MC(A)).

Encadrant MAA TEMAGOULT M/ PROF- UFM Constantine 1).

Examinateur(s): MCB HAMLA (MA(B))/ PROF - UFM Constantine 1),