



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

جامعة الاخوة منتوري قسنطينة  
كلية علوم الطبيعة والحياة

**Département :** Biologie et Écologie Végétale

**قسم :** بيولوجيا و علم البيئة النباتية

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

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

**Filière :** Sciences Biologiques

**Spécialité :** Biologie et Génomique Végétale

Intitulé :

---

## **La Recherche *In Silico* Des Marqueurs Moléculaires Liés Aux Stress Abiotiques Chez Le Blé**

---

**Présenté et soutenu par :** *BOUKHERS F.Narimene*

**Le :** 19/06/2016

**Jury d'évaluation :**

**Présidente du jury :** *Mme.HAMMOUDA Dounia* (MCA - UFM Constantine).

**Rapporteur :** *Mme.BOUSBAA Ratiba* (MCA - UFM Constantine).

**Examinatrice :** *Mme.KACEM Sandra* (MCB - UFM Constantine)

*Année universitaire  
2016 – 2017*

# Remerciement

**A**près avoir rendu grâce à Dieu le Tout Puissant et Miséricordieux de m'avoir donné la santé, la volonté et la patience pour mener à terme ma formation de Master et pouvoir réaliser ce travail de recherche.

Avant de commencer le développement de ce travail, il me paraît tout naturel de commencer par remercier les personnes qui m'ont permis de l'effectuer.

- ✚ Je tiens à exprimer mes profonds remerciements à mon encadrant **Mme. Bousbaa R ; Docteur à l'université des frères Mentouri, Constantine** qui m'a fournie le thème de ce mémoire et m'a guidé de ses précieux conseils et suggestions.
- ✚ Je tiens à gratifier aussi les membres de jury pour l'intérêt qu'ils ont porté à ma recherche en acceptant d'examiner mon travail :
- ✚ Mes vifs remerciements s'adressent à **Mme. Hammouda D ; Docteur à l'université des frères Mentouri, Constantine**, d'avoir accepté de présider mon jury.
- ✚ J'adresse de chaleureux remerciements à **Mme. Kacem S ; Docteur à l'Université des frères Mentouri, Constantine**, qui a accepté de me faire l'honneur d'examiner mon travail.
- ✚ Mes remerciements au chef de département **Mr. Baka** ainsi qu'à tous mes chers enseignants de M1 et M2 spécialité - **Biotechnologie et Génomique Végétale** -

*Et en fin à tous ceux qui m'ont soutenu et qui me soutient encor*

# Dédicace

L'amour d'un père est plus haut que la montagne ...

L'amour d'une mère est plus profond que l'océan ...

**A** mes parents ...

"وَاخْفِضْ لَهُمَا جَنَاحَ الذُّلِّ مِنَ الرَّحْمَةِ وَقُلْ رَبِّ ارْحَمْهُمَا

كَمَا رَبَّيْتَنِي صَغِيرًا" الإسراء 24

“My Lord, have mercy upon them as they brought me up [when I was] small.” Quran (17 :24)

# Résumé

Les efforts de recherche sur le blé dur et tendre sont à la mesure de l'importance économique de cette culture. Les stress biotiques et abiotiques sont les principales contraintes qui menacent considérablement la culture et la production de cette céréale. Aujourd'hui, avec le marquage moléculaire, de nouvelles perspectives s'ouvrent pour les sélectionneurs, par l'utilisation des marqueurs dans le but d'améliorer le rendement et augmenter la productivité. L'amélioration des plantes consiste à créer une variabilité génétique nouvelle.

Une autre approche au service des sciences et des chercheurs, la bio-informatique qui par le développement d'Internet, de la capacité de stockage des supports informatiques, des algorithmes de compression et de la vitesse des réseaux rapprochent les différents types de bases de données, qui sont des outils indispensables à tout travail de recherche et à toutes les étapes du parcours étudiant chercheur et professionnel, et aussi adaptables aux besoins et exigences de chacun.

Dans ce travail, nous avons visé de constituer un mini recueil des différents types de marqueurs moléculaires (SSR, ISSR, RFLP, AFLP, RAPD) liés aux contraintes abiotiques chez une diversité de cultivars de Blé, cela à partir de la collecte et l'analyse des données textuelles obtenus par notre recherche *in silico* ; et qui était une de recherche de type documentaire.

Vous trouvez au sein de ce recueil 142 marqueurs moléculaires de différents types, et qui ont été utilisés pour l'identification, l'évaluation, et l'amélioration des performances d'une centaine – 125 - cultivars de blé de diverses origines (l'Inde - Egypte - Soudan - Canada - Iran).

**Mots clés :** Blé, Stress abiotiques, ISSR, SSR, RAPD, RFLP, AFLP, recherche *in silico*, bases de données bibliographiques.

# Abstract

Research efforts on durum and soft wheat are commensurate with the economic importance of this crop. Biotic and abiotic stresses are the main constraints which considerably threaten the cultivation and production of this cereal. Today, with molecular labeling, new perspectives are opening for breeders, using markers to improve yield and increase productivity. Plant breeding involves creating new genetic variability.

Another approach at the service of science and researchers, the bioinformatics which by the development of the Internet, the storage capacity of computer media, compression algorithms and the speed of networks bring the different types of databases closer together, which are indispensable tools for all research work and at all stages of the student and professional journey, and adaptable to the needs and requirements of each.

In this work, we aim to compile a mini - collection of the various types of molecular markers (SSR, ISSR, RFLP, AFLP, RAPD) related to abiotic stresses in a variety of wheat cultivars, Analysis of the textual data obtained by our *in silico* research; which was a documentary type research.

Within this compendium, you will find 142 molecular markers of different types, which have been used for the identification, evaluation, and performance improvement of 100 wheat cultivars from several regions in the (India - Egypt - Sudan - Canada - Iran).

**Key Words:** Wheat, abiotic stress, ISSR, SSR, RAPD, RFLP, AFLP, *in silico*, Bibliographic databases.

# المخلص

قوة الجهود البحثية علا القمح بنوعيهالصلب واللين هي علي قدر الأهمية الاقتصادية لهذا المحصول.الضغوطالحيوية وغير الحيوية هي المعوقات الرئيسية التي تهدد بشكل كبير زراعة وإنتاج هذه الحبوب. اليوم، مع الوسم الجزيئي، آفاق جديدة تنفتح أمام المربين، من خلال استخدامتقنيات الوسمالجزيئية من أجل تحسين الأداء وزيادة الإنتاجية وخلق تباينوراثي الجديد.

ثمة منهجية علميةأخرى في خدمة البحث العلمي، إنها المعلوماتية الحيوية التي مع تطور الإنترنت، وسعة التخزين ووسائل الإعلاموالكمبيوتر، خوارزميات الضغط وزيادة سرعاتالتدفق، ساهمت في تقريبالأنواع مختلفة من قواعد البيانات وهي أدوات لا غنى عنها لأي البحوث وفي جميع مراحل الطلاب والخلفية المهنية، بكونها قابلة للتكيف مع احتياجات ومتطلبات كل فرد.

في هذا العمل، فإننا نهدف إلى إنشاء مجموعة مصغرة كمرجع يضم أنواع مختلفة من الواسمات الجزيئية (RAPD، AFLP، RFLP، ISSR، SSR) المتصلة بالإجهاد اللاحيوي عند مختلف أصناف القمح، وهذا من خلال جمع وتحليل البيانات النصية التي حصلت عليها بحثنا في سيليكون. حيث كانبأسلوب البحث الوثائقي.

وهذا العمل بمثابة دليل لعدد من الواسمات الجزيئية (RAPD، AFLP، RFLP، ISSR، SSR) المتعلقة بالضغوط غير الحيوية المستخدمة في مجموعة من بعض البحوث والدراسات الأخيرة (2011-2017) التي أدلى بها العديد من الباحثين في العالم، وهذا من أجل تحسين القمح تحت ظروف الضغوط غير الحيوية.

تجدون في هذه المجموعة 142 واسمات الجزيئية من أنواع مختلفة، استخدمت لتحديد وتقييم وتحسين أداء مائة - 125 - صنف من القمح الأصلي للعديد من المناطق في العالم (الهند - مصر - السودان - كندا - إيران)، الأمر الذي يحقق الهدف المسطر لهذا العمل.

**كلمات البحث:** القمح ، الإجهاد غير الحيوي ، ، الواسمات الجزيئية، ISSR، SSR، RAPD، RFLP، AFLP ، البحث *in silico* .

# Sommaire

Dédicace

Remerciement

Résumé

الملخص

Abstract

Liste des Figures

Liste des Tableaux

Liste de Abréviation

Introducti.....1

## PREMIERE PARTIE : SYNTHESE BIBLIOGRAPHIQUE

### CHAPITRE 1 : Le blé

I-	Classification Botanique.....	2
II-	Classification génétique.....	2
III-	Description Botanique.....	3
	1-L'appareil végétatif.....	3
	2-La fleur.....	3
	3-Le fruit : la graine.....	4
	3.1 Composition histologique du grain.....	4
	3.2 Composition Chimique du grain.....	5
IV-	La vie de la plante.....	6
V-	Importance et intérêt du Blé.....	7
	1-Situation Mondiale.....	7
	1.1 La production.....	8
	1.2 La consommation.....	8
	1.3 Les stocks.....	9
	2-Situation Nationale.....	11
	2.1 La production.....	11
	2.2 L'importation.....	11

## **CHAPITRE 2 : Les Contraintes Abiotiques et leur effet sur la plante**

I-	Notion du stress.....	12
II-	Les différents types de stress.....	12
III-	Les contraintes Abiotiques et leur effet sur le blé.....	12
1-	Le stress hydrique.....	13
1.	Définition.....	13
2.	Effet du stress hydrique sur la plante.....	14
2-	Le stress thermique.....	15
1.	Définition.....	15
2.	Effet du stress thermique sur la plante.....	15
3-	Les principales contraintes liées à la production du blé en Algérie.....	16
VI-	Les mécanismes d'adaptation aux stress.....	16
1-	La réponse des plantes aux stress.....	16
2-	La résistance et la tolérance aux stress.....	17
3-	L'adaptation moléculaires .....	18

## **CHAPITRE 3 : les marqueurs moléculaires et la recherche *in silico***

I-	Les marqueurs moléculaires .....	19
1-	Le principe du marquage moléculaire.....	19
1.1	Que ce qu'un marqueur ?.....	19
1.2	Qualités d'un bon marqueur .....	20
2-	Les différents types de marqueurs moléculaires .....	20
2.1	Marqueur moléculaire RFLP détectable par Southern.....	21
2.2	Marqueurs de type PCR.....	22
2.2.1	SSRS.....	22
2.2.2	AFLP.....	23
2.2.3	RAPD.....	24
2.2.4	ISSR.....	25
II-	La recherche In Silico .....	27
1-	Définition.....	27
2-	De la biologie moléculaire à la génomique et la bio-informatique .....	28
2.1	La biologie moléculaire .....	28
2.2	La génomique .....	28
2.3	La bio-informatique.....	29
3-	L'information scientifique en génomique .....	30
3.1	Les données factuelles.....	30
3.2	Les données textuelles.....	31
3.3	Les bases de données bibliographiques.....	32
3.4	Les informations communautaires.....	33
3.5	Intérêts des bases de données bibliographiques.....	34



## DEUXIEME PARTIE : METHODOLOGIE DE TRAVAIL

I-	<b>Méthode de Travail</b> .....	36
II-	<b>Résultats et discussion</b> .....	38
	<u>Etude 1</u> : Identification des marqueurs RAPD et ISSR associés à la sénescence des feuilles sous Conditions de stress hydrique chez le blé ( <i>Triticum aestivum</i> L) .....	38
	<u>Etude 2</u> : Identification des marqueurs moléculaires ISSR et RAPD de la tolérance à la sécheresse chez le Blé <i>Triticum aestivum</i> L) .....	43
	<u>Etude 3</u> : Evaluation des indices de la tolérance à la sécheresse et leurs relations avec les marqueurs ISSR chez le Blé panifiable ( <i>Triticum aestivum</i> L) .....	46
	<u>Etude 4</u> : Détection de cultivars de blé ( <i>Triticum aestivum</i> ) avec des performances contrastées sous des contraintes abiotiques.....	49
	<u>Etude 5</u> : Analyse de la stabilité e de l'association des marqueurs ISSR chez des variétés de b.....	52
	<u>Etude 6</u> : Evaluation de la variation génétique de la tolérance au stress thermique au sein des géotypes de blé de pain utilisant des traits morpho-physiologiques et des marqueurs moléculaires SSR.....	54
	<u>Etude 7</u> : Identification des marqueurs RAPD et ISSR pour le stress de la sécheresse dans quelques variétés égyptienn.....	57
	<u>Etude 8</u> : Caractérisation moléculaire, morphologique et anatomique de certains blés.....	59
III-	<b>Bilan Statistique</b> .....	61
	<b>CONCLUSION</b> .....	62
	<b>Références Bibliographiques</b>	
	<b>Annexes</b>	

# Liste des Figures

- **Figure 01** : l'épillet du blé
- **Figure 02** : Une Fleur De L'épillet Du Blé
- **Figure 03** : Schéma d'une coupe longitudinale et transversal d'un grain de blé
- **Figure 04** :L'évolution des stades de développement du blé
- **Figure 05** :Bulletin de la FAO sur l'offre et la demande du Blé (FAO,2017)
- **Figure 06** :Offre et demande mondiale de Blé sur la période 2013-2017
- **Figure 07** :La tolérance des plantes aux stress
- **Figure 08** :: Schéma de la réaction du Polymorphisme de Longueur des Fragments d'Amplification RFLP
- **Figure 09** :schéma de la réaction microsatellite SSRs
- **Figure 10** :Schéma De La Réaction AFLP
- **Figure 11** :Schéma De La Réaction RAPD
- **Figure 12** :Schéma Du Cycle De L'information Scientifique Et Technique
- **Figure 13** : Notices Genbank
- **Figure 14** :le cycle de l'IST et les dispositifs informationnels
- **Figure 15** :Profil des fragments RAPD, produits par l'amorce 11 (5'CAATCGCCGT3 ').
- **Figure 16** :Profils fragments ISSR, produits par M1 (5 '(AC) 8CG 3')
- **Figure 17** :Profils marqueurs RAPD (Pr11<sub>230 pb</sub>, Pr19<sub>240 pb</sub>, OPU06<sub>340 pb</sub>, OPH13<sub>450 pb</sub>) et ISSR (M1<sub>1100 pb</sub> Et AD2<sub>300 pb</sub>) et le gène de sénescence des feuilles ; localisé par cartographie marqueur QTL.
- **Figure 18** :: Profil de bande électrophorétique amplifié par ( a ) l'amorce RAPD OPO-05, ( b ) l'amorce ISSR UBC 812, ( c ) l'UBC 834 et ( d ) la piste UBC 881.
- **Figure 19** : Modèle de bande ISSR après amplification par PCR
- **Figure 20** : Noms et performances des cultivars de Blé tendre testés.
- **Figure 21** : Profil de l'analyse ISSR des 8 cultivars par les amorces 17899A et HB8
- **Figure 22** : Profil d'amplification de 20 variétés de Blé de pain avec des amorces (A) UBC811et (B) UBC840.
- **Figure 23** : fragments d'ADN générés par RAPDPCR avec six amorces arbitraires, (a) OPE26, (b) A12, (c) E10, (d) OPT08, (e) OPC19 et (f) OPX17.

- **Figure 24** : Représentation graphique des différents marqueurs cités avec leurs effectifs
- **Figure 25** : Représentation graphique des cultivars cités avec leurs origines

# Liste des Tableaux

- **Tableau 01** : Classification botanique du blé
- **Tableau 02** : Composition chimique du grain de blé
- **Tableau 03** : Distribution histologique des principaux composants du grain de blé
- **Tableau 04** : Marché mondiale des céréales (fao,2017)
- **Tableau 05** : Marché mondiale du blé (FAO,2017)
- **Tableau 06** : Tableau récapitulatif des caractéristiques des principaux marqueurs
- **Tableau 07** : Les types de bases de données
- **Tableau 08** : Tableau récapitulatif de l'étude 1
- **Tableau 09** : Tableau récapitulatif de l'étude 2
- **Tableau 10** : Les lignes tolérantes à la sécheresse et sensibles utilisées dans l'étude
- **Tableau 11** : Tableau récapitulatif de l'étude 3
- **Tableau 12** : Liste des noms des cultivars et de leur type de croissance
- **Tableau 13** : Tableau récapitulatif de l'étude 4
- **Tableau 14** : Tableau récapitulatif de l'étude 5
- **Tableau 15** : pedigree et origines des 20 cultivars utilisés
- **Tableau 16** : Tableau récapitulatif de l'étude 6
- **Tableau 17** : l'ensemble des géotypes et pedigree des 30 cultivars utilisés dans cette étude
- **Tableau 18** : Tableau récapitulatif de l'étude 7
- **Tableau 19** : Tableau récapitulatif de l'étude 8
- **Tableau 20** : Tableau statistique des résultats cités

# Liste de Abréviations

- **AFLP** : Amplified Fragment Length Polymorphisme
- **EST** : Expressed Sequence Repeat amplification
- **ISSR** : Inter-Simple Sequences Repeat amplification
- **QTL** : Quantitative trait locus
- **RAPD**: Random Amplified Polymorphic DNA
- **RFLP**: Restriction Fragment Length Polymorphisme
- **SCAR**: Sequence Characterized Amplified Region
- **SNP**: Single Nucleotide Polymorphisme
- **SSCP**: Single Stranded Conformation Polymorphisme
- **SSR**: Simple Sequence Repeat
- **STS**: Sequence Tagged Site
- **SAM**: Sélection Assistée par Marqueur Moléculaire

# Références

## Bibliographiques

- **Abbassenne F, BouzerzourH, HachemiL. (1997).** " Phénologie et production du blé dur - *Triticum durum* Desf - en zone semi-aride ". Annales Agronomiques INA, n18.
- **Al-Kordy M, Shokry A, Al-Hejin A, Al-Ahmadi A, Edirs S, Ramadan A, Bahieldin. (2013).** "Detection of wheat (*Triticum aestivum*) cultivars with contrasting performance under abiotic stresses". Life Science Journal *LSF*, 11.
- **BahlouliF, BouzerzourH, BenhammedA, HassousK.L. (2005).** "section of high yielding and risk efficient durum wheat ( *Triticum durum* Desf ".
- **BaldyC, RuelleP, FernandesA. (1993).** " Résistance à la sécheresse du srghograin en climat méditerranéen " .Sécheresse, n 4.
- **Behnam Firoozi, Omid Sofalian, Majid Shokrpoor, Ali Raoulzadeh, Fatemeh Ahmadpoor. (2012).** " Assessment of Drought Tolerance Indices and their Relation with ISSR Markers in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.)". *Notulae Scientia BiologicaeNSB*, 8.
- **BenbelkacemA. (2000).** " Evaluation du progrès génétique chez quelques variétés de Blé dur - *Triticum turidum*L var durum cultivées en Algérie options méditerranéennes".
- **Botstein D, White R, Skolnick M, Dvies R. (1980)** ".Construction of genetic linkage map in man using restriction fragment lenght polymorphism " .*Am.J.Hum.Gen.*32.
- **BousbaaR. (2012).** " Caractérisation de la tolérance à la sécheresse chez le Blé dur - *Triticum durum* Desf ". Constantine: Thèse de Doctorat de l'Université Constantine.

- **BousbaaR, YekhlefN, DjekounA. (2009).** " Water use efficiency and flag leaf photosynthetic in response to water deficit of Durum Wheat ". World journal of agricultural sciences.
- **BouzerzourH, ZeraguiH, DekhiliM. (1995).** " Relationships among duration of vegetative and grain filling periods, yield components and grain yield durum wheat ". Awamia, n15.
- **BrayF, ZieglerP. (1989).** "Biosynthesis and degradation of starch in higher plants" . Annual Review of Plant Physiology. And mol. Bio.
- **CattiveliL, BaldiP, CrosattiN, Di FonzoN. (2002).** "Chromosome regions and stress related sequences involved in resistance to abiotic stress in triticeae " Plant Molecular Biology. n 48.
- **DekkersJ.C, HospitalF. (2002).** "The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations -review-" Natl.Rev.Gent.n3.
- **De Vienne D. 1998.** ‘ ‘ Les marqueurs moléculaire en génétique et biotechnologies végétales’ ’. Ed, INRA ,p 195.
- **EaglesH.A, BarianaH.S, OgonnayaF.C, RebtkekeG.J, HollambyG.J, HenryR.J, .CarterM. (2001).** " Implementation of markers in Australian wheat breeding". Aust.J.Agric.Res, n 52.
- **EyalZ, ScharenA.L, PrescottJ.M, GinkelV.M. (1987).** " The septoria diseases of wheat ". Concepts of diseases management CIMMYT. Mexico.
- **FAO. (2017).** Organisation des Nations Unies pour l'Alimentation et l'Agriculture. Récupéré sur FAO : <http://www.fao.org/worldfoodsituation/csdb/fr/>
- **GabrielG. (2002).** "La recherche in silico.les chercheurs et la documentation numérique". Cercle de la librairie.
- **GallaisA. (2011).** " Méthodes de création de variétés en amélioration des plantes". Quae.
- **GallaisA. (2013).** " Evolution des outils pour amélioration des plantes". De la domestication à la transgénèse. Qua.
- **Grunig C, Sieber T, Holenrieder O. (2001).** "Characterization of dark septate endophytic fungi <DES> using inter-simple-sequence-repeat-anchored polymerase chain reaction <ISSR-PCR> amplification". Mycol.Res.105.
- **GuptaP, Roy J, Prasad M. (2001).** "Single nucleotide polymorphism molecular marker technology and DNA polymorphism detection with plants " <Review>. Curr.Sc. (Vol. 80 '4).

- **Gupta P, Varshney R, Sharma P, Ramesh B. (1999).** "Molecular markers and their application in wheat breeding" . Plant Breed 118.
- **Haiba A, Youssef M, Heiba S, Hodab M, Ali, Ibrahim A. (2016).** " Identification of RAPD and ISSR Markers for Drought Stress in Some Egyptian Durum Varieties". Egyptian Journal of Environmental Research *EJER*, 17.
- **Jones H.G, Jones.M.B. (1989).** "Plants under stress" . Université Cambridge.
- **Kahl G. (2001).** "The dictionary of gene technology". Institute of Biotechnology and genetic engineering. University of Sindh, Jamshoro, Pakistansindh Agriculture University; Tando Jam, Pakistaain, Pak. J.Biot, 42"4". Pakistan: Weinheim.
- **Kribaa M. (2002).** " Effet de la jachère su les sols en céréaliculture pluviale dans les zones semi-arides méditerranéennes. Cas des hautes plaines Sétifiennes en Algérie ". El-Harrach: Thèse d'Etat INA.
- **Langridge P, Lagudah E, Holton T, Appels R, Sharp P, Chalmers K. (2001).** " trends in genetic and genome analyses in wheat: a review ". *Aust.J.Agri.Res* 52.
- **Levitt J. (1989).** " Responses of plants to environmental stresses " . New York: Academic Press.
- **Madhara R, Raghvendra A.S, Janardhan R.K. (2006).** "Physiology and Molecular Biology of stress Tolerance InPlants". Printed in the Netherlands: Springer.
- **Mekhlouf A, Bouzerzour H, Benmhammed.A, HadjSahraoui.A, Harkati N. (2006).** " Adaptation des variétés de blé dur - Triticum durum desf, au climat semi-aride ". Sécheresse.
- **Motawea M, Said A, & Khaled, A. (2015).** " ISSR Markers-Trait Associations and Stability Analysis in Bread wheat varieties ". Plant Bredd Biotech *PBB*, 11.
- **Olivia P, Truc C, Lootens A, Verstrate G. (2005).** Projet " sciences au quotidien " le chauffage aux céréales". 20p.
- **Olson K, Hood, Cantor C, Doststein D. (1989).** "Acommon language for physical mapping of the human genome". Science.245.
- **Orita M, Isahana H, Kanawa H, Hayashi K, Sekiya T. (1989).** "Detection of polymorphism of human DNA by gel electrophoresis as single-strand conformation-polymorphism". Proc Nat.Acad.USA.86.
- **Osama M.Saleh, Nahla Hamiedeldin, Ahmed F.Khafaga, Rashed M. Shoaib. (2017).** "Molecular, Morphological and Anatomical Characterization for Some Egyptian Durum Wheat". Life Science Journal *LSJ*, 14.

- **Oweiss T.Y, Zhang H. (1989).** " Water Use efficiency: index for optimizing supplemental irrigation of wheat in water scare areas ". J.Applied Irrigation Science. N 33.
- **Paran I, Michelmore R. (1993).** "Develpement of reilable PCR-based markers linked to downy mildew resistance genes in littuce". *Theor.Appl.Gent.*85.
- **Parker G, Langridge P. (2000).** ‘ Development of ST marker linked to major locus controlling flour colour in wheat "Triticum aestivum L" Mol.Breed.6.
- **Pena R.J, Pfeiffer W.H. (2005).** "Breeding methodologies and strategies for durum wheat quality improvement" in: Durum wheat breeding: current approches and future strategies. Food productpress.
- **Prat D, Faivre Rampant A, Prado. (2006).** " Analyse du génome et gestion des ressources génétiques forestières ". INRA.
- **Reena Deshmukh, Nawab Singh Tomar, Niraj Tripathi, Sharad Tiwari. (2012).** "Identification of RAPD and ISSR markers for drought tolerance in wheat - Triticum aestivum L.". *PhysiolMolBiol Plants*, 4.
- **Sana Ibrahim Milad, Lydia Elias Wahba, Mohamed Najeb Barakat. (2011).** "Identification of RAPD and ISSR markers associated with flag leaf senescence under waterstressed". *Australian Journal of Corp Science*, 7.
- **Santoni S, Faivre-Rampant P, Prado E, Prat D. (2000).** ‘ Marqueurs moléculaires pour l'analyse des ressources génétique et l'amélioration des plates ‘. *Cah.AGRI.* n9.
- **Sharma P, Sareen S, Saini M, Shefali. (2016).** " Assessing genetic variation for heat stress tolerance in Indian bread wheat genotypes using morpho-physiological traits and molecular markers ". *Plant genetic REsources PGR*, 9.
- **Somers D, Issac P. (2003).** "A high-density wheat microsatellite consensus map for bread wheat -Triticum aestivum L.-" *Theoretical and Applied Genetics.*109.
- **Triboi E, Planchon J, Magne J. (1985).** " Déterminisme du poids moyen du grain chez le Blé.Effet sur la variation du rendement ". *CR Acad.Agri de France.* n71.
- **Turner N.C. (1986).** " Adaptation to water deficit : a changing êrspective " *Aust J Plant Physiology* . INRA. Paris.
- **Turner N.C, Mussell H, Staples R.C. (1979).** " Drought resistance and adaptation to water deficient in crops plants ". in: *Stress Physiology in Crop Plants.* New York: Wiley inter sciences.



- **VanOosterom E.J, Ceccarelli S, Peacock J.M. (1993).** "Yield responses of barley to rainfall and temperature in mediterranean environments ". *Journal of Agricultural Sciences Cambridge*. n 121.
- **Vinocur , Altman. (2005).** "Recent advances in engineering plant tolerance to abiotic stress: achievements and limitations" *Curr. Opin. Biotechnol.* 16, 123 - 132
- **Vos P, Hogers R, Bleeker M, Reijans M, Van de lee T, Hornes M, Zabeau, M. (1995).** "AFLP a new technique for DNA fingerprinting".*Nucle.Acids.Res.*23.
- **Wiesner I, Wiesnerova D. (2003).** "Effect of resolving medium and staining procedure on inter-simple-sequence-repeat ISSR patterns in cultivated flax germplasm".*Gent.res.cropEvol.* 50.
- **Williams J, Kubelik A, Livak K, Rafalski J, Tingey S. (1990).** "DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucl.Acids.Res.*18;22.
- **Yakota A, Takahara K, Akashi K. (2006).** ‘‘Physiology and Molecular Biology of stress Tolerance in Plants’’. Springer.
- **Zietkiewicz E, Rafalski A, Labuda D. (1994).** "Genomes fingerprinting by simple sequence repeat <SSR> anchored polymerase Chain reaction amplification". *Genomics.*20.

# Introduction

Vue l'importance et l'immense intérêt du blé dur et tendre dans l'alimentation humaine dans le monde entier, l'amélioration de cette céréale est un défi continu pour les sélectionneurs, en raison des contraintes abiotiques qui limitent sa production. Les techniques de marquage moléculaire permettent de rendre plus rapides les opérations classiques de sélection. Un certain nombre de ces techniques a été utilisé par les chercheurs sur des cultivars de blé de différentes origines dont l'objectif d'identifier et localiser des gènes et des QTL (Quantitatif Trait Loci) d'intérêt agronomique, dans le but d'améliorer les performances des variétés de blé et les utilisés dans les programmes de sélection et de culture.

Une autre approche au service des sciences et des chercheurs, la bio-informatique qui par le développement d'internet, de la capacité de stockage des supports informatiques, des algorithmes de compression et de la vitesse des réseaux rapprochent les différents types de bases de données. Les bases de données bibliographiques proposent de plus en plus fréquemment des liens entre la notice et l'article en texte intégral. Ainsi le vieux rêve de tout chercheur se réalise : pouvoir depuis son bureau accéder à un nombre illimité de données. Elles sont des outils indispensables à tout travail de recherche et à toutes les étapes du parcours étudiant et professionnel. L'étendue des domaines traités, la diversité des sources, la convivialité des interfaces d'interrogation en font des instruments de travail souples et adaptables aux besoins et exigences de chacun.

Dans ce travail, on vise à constituer un mini recueil des différents types de marqueurs moléculaires (SSR, ISSR, RFLP, AFLP, RAPD) liés aux contraintes abiotiques chez une diversité de cultivars de blé, cela à partir de la collecte et l'analyse des données textuelles obtenus par notre recherche *in silico*.

Le manuscrit est présenté en deux parties majeures, dont la première traitera les trois axes autour desquels tourne le thème de ce mémoire ; et qui sont : Le blé et les contraintes abiotiques, le marquage moléculaire et la recherche *in silico*. Une deuxième partie aborde la Méthode de travail et les résultats remarquables avec une analyse et discussion de ces derniers. Pour finir une conclusion générale suivie de la liste de références bibliographiques.

## I- Classification botanique

Le blé est une monocotylédone qui appartient au genre *Triticum* de la famille des *Gramineae* (Tableau01 ). C'est une céréale dont le grain est un fruit sec et indéhiscant, appelé caryopse, constitué d'une graine et de téguments. Les deux espèces les plus cultivées sont le blé tendre *Triticum aestivum* et le blé dur *Triticum turgidum* qui se différencient par leur degré de ploïdie et par leur nombre de chromosomes. Les génomes de ces espèces sont constitués d'un nombre de chromosomes multiple de 7. Ces génomes sont dits « homologues » (Olivia et al. 2005).

Tableau 01 : Classification Botanique du Blé (Olivia et al. 2005)

Règne	<i>Plantae</i>
Sous-règne	<i>Cormophyte</i>
Embranchement	<i>Spermaphytes</i>
Sous-embranchement	<i>Angiospermes</i>
Super-ordre	<i>Commeliniflorales</i>
Ordre	<i>Poales</i>
Classe	<i>Monocotylédones</i>
Famille	<i>Graminées</i>
Genre	<i>Triticum</i>
Espèce	<b><i>Triticum durum</i> Desf</b>

## II- Classification génétique :

Le blé dur est tétraploïde et possède les génomes AA et BB constitués chacun de sept paires de chromosomes numérotées de 1 à 7 (A1...A7, B1...B7), soit au total 28 chromosomes. Le blé tendre est hexaploïde, possède les 3 génomes AA, BB et DD et donc 42 chromosomes. Le blé dur est apparu par hybridation des espèces diploïdes *Triticum monoccum* et *Aegilops speltoides* (Le génome A provient du *Triticum monoccum* et le génome B d'*Aegilops speltoides*).

Le blé tendre, quant à lui, est apparu par hybridation des espèces *Triticum turgidum* et *Triticum tauschii* (blé diploïde) d'où provient le génome D (Olivia et al. 2005).

### III- Description botanique

#### 1. L'appareil végétatif

Un pied de blé comprend :

- Une partie souterraine : Elle comprend des tiges couchées, à entre-nœuds très courts, dont les nœuds portent de nombreuses racines adventives. Le système racinaire du blé, très étalé, est formé de racines toutes également développées : le blé a des racines fasciculées.
- Une partie aérienne : Elle est composée de plusieurs longues tiges herbacées, cylindriques, grêles, non ramifiées, renflées au niveau des nœuds. Les tiges sont pleines au niveau des nœuds et creuses dans les entre-nœuds. De telles tiges, appelées chaumes, sont, grâce à cette structure, à la fois souples et résistantes.

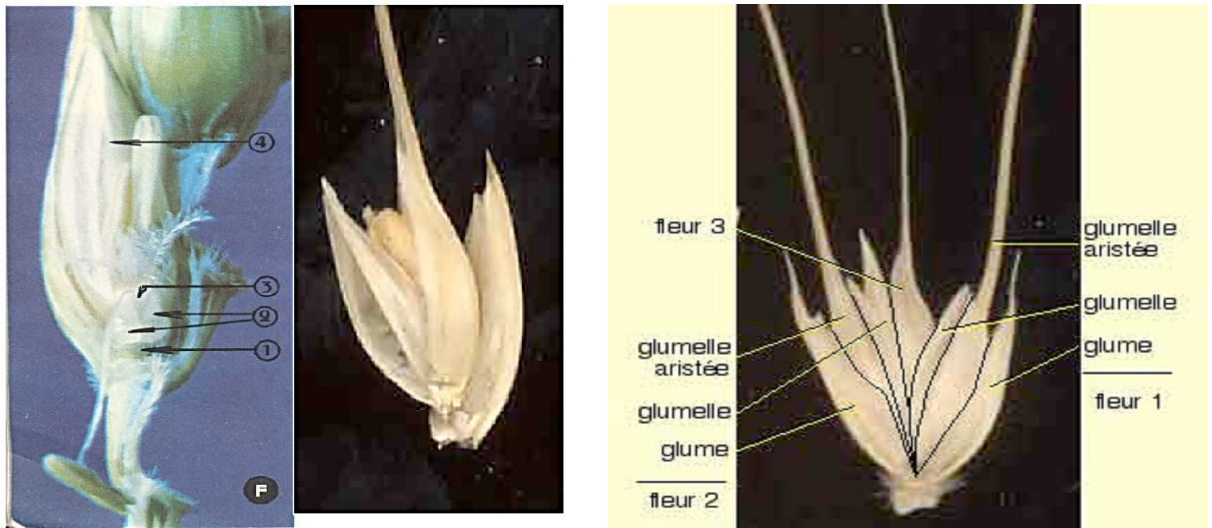
Les feuilles sont alternes et comprennent :

- Une longue gaine en forme d'étui enveloppant, sur presque toute sa longueur, l'entre-nœud situé au-dessus de son point d'attache. Les feuilles sont donc engainantes.
- Un limbe à nervures parallèles, long et étroit. A sa jonction avec la gaine, se trouve une petite languette appelée ligule (Olivia et al. 2005.)

#### 2. La fleur

Les fleurs sont groupées à l'extrémité des tiges en inflorescence couramment appelées épis. L'épi de blé est composé d'épillets (Figure 01). Chaque épillet est formé de plusieurs fleurs entourées chacune par deux glumelles (Figure 02). Les glumes, au nombre de deux, entourent l'épillet. La glumelle inférieure porte une longue arête.

Les deux glumes, elles, sont carénées et à courte pointe la fleur, qui est portée par un court pédoncule (1), comprend : - trois étamines. Leurs filets sont longs et grêles. A maturité, leurs anthères ont la forme d'un X. - un gynécée formé d'un seul carpelle. L'ovaire globuleux (3), qui contient un seul ovule, est en partie caché par deux petites écailles, les glumellules (2). Il est surmonté de deux stigmates plumeux. Ces fleurs étant dépourvues de calice et de corolle, il apparaît que les glumes et les glumelles ont un rôle protecteur (Olivia et al. 2005).



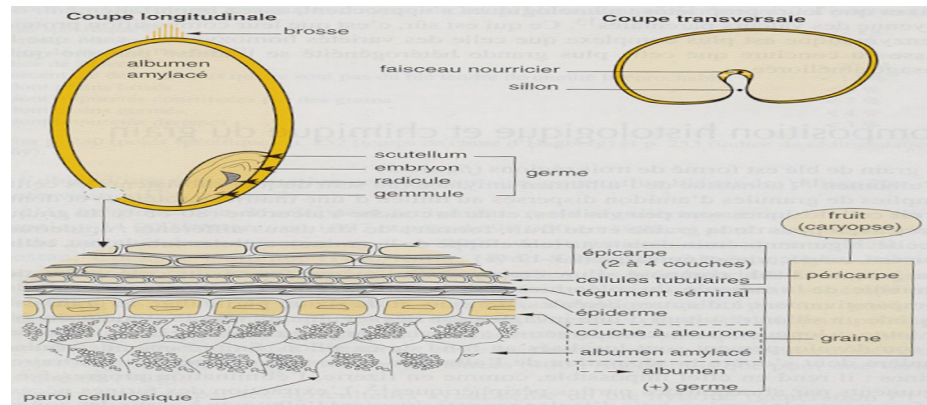
### 3. Le fruit : la graine

#### 3.1. Composition histologique du grain

Un grain de blé est formé de trois régions (Figure 03) :

- L'albumen, constitué de l'albumen amylicé (au sein duquel subsistent des cellules remplies de granules d'amidon dispersées au milieu d'une matrice protéique et dont les parois cellulosesques sont peu visibles) et de la couche à aleurone (80-85 % du grain) :
- Les enveloppes de la graine et du fruit, formées de six tissus différents : épiderme du nucelle, tégument séminal ou testa (enveloppe de la graine), cellules tubulaires, cellules croisées, mésocarpe et épicarpe (13-17 %) ;
- Le germe (3 %), composé d'un embryon (lui-même formé de la coléoptile, de la gemmule, de la radicule, du coléorrhize et de la coiffe) et du scutellum.

Le grain de blé possède un sillon résultant d'une invagination des téguments vers l'intérieur du grain, sur toute sa longueur et du côté du germe ; les faisceaux nourriciers de la graine au cours de son développement sont localisés au fond de ce sillon (Figure 03) (Olivia et al. 2005).



### 3.2. Composition chimique du grain

Le grain est principalement constitué d'amidon (environ 70 %), de protéines (10-15 % selon les variétés et les conditions de culture) et de pentosanes (8 à 10 %) ; les autres constituants, pondéralement mineurs (quelques % seulement), sont les lipides, la cellulose, les sucres libres, les minéraux et les vitamines – Tableau 02).

Ces constituants se répartissent de manière inégale au sein des différentes fractions histologiques du grain – Tableau 03 ). L'amidon se retrouve en totalité dans l'albumen amyacé, les teneurs en protéines du germe dans la couche à aleurone sont particulièrement élevées, les matières minérales abondent dans la couche à aleurone, les pentosanes sont les constituants dominants de cette dernière et du péricarpe, la cellulose représente près de la moitié du celui-ci, les lipides voisinent ou dépassent les 10 % dans le germe et dans la couche à aleurone (ou assise protéique) – Tableau 03) (Olivia et al. 2005).

Nature des composants	Teneur (% ms)
Protéines	10 - 15
Amidon	67 - 71
Pentosanes	8 - 10
Cellulose	2 - 4
Sucres libres	2 - 3
Lipides	2 - 3
Matières minérales	1,5 - 2,5

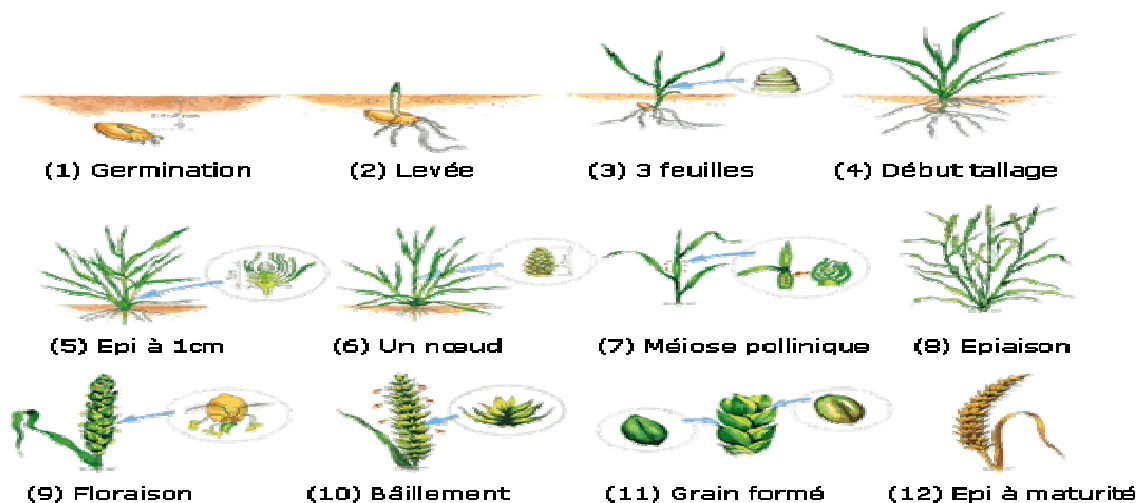
**Tableau 03 : distribution histologique des principaux composants du grain de blé (Olivia et al. 2005)**

	Grain		Péricarpe (6) <sup>(1)</sup>		Aleurone (7)		Albumen (84)		Germe (3)	
	% G	% T	% G	% T	% G	% T	% G	% T	% G	
Protéines	13,7	10	4,4	30	15,3	12,0	73,5	31	6,8	
Lipides	2,7	0	0	9	23,6	2	62,9	12	13,5	
Amidon	68,9	0	0	0	0	82	100	0	0	
Sucres réducteurs	2,4	0	0	0	0	1,8	62,7	30	37,3	
Pentosanes	7,4	43	35,1	46	43,8	1,6	18,3	7	2,9	
Cellulose	2,8	40	87,1	3	7,6	0,1	3,1	2	2,2	
Minéraux	1,9	7	22,6	12	43,6	0,5	22,6	6	9,7	

% G = % du constituant dans le grain ; % T = % du constituant dans le tissu  
 (1) % du tissu dans le grain  
 Ces valeurs sont indicatives. La composition du grain a été calculée à partir de celle de ses constituants.

## IV- La vie de la plante

Les étapes de la vie d'une plante et les échelles d'étude des phénomènes de croissance et de développement sont indiquées sur la (Figure 04). L'évolution des phases de croissance et des stades de développement du blé, pris comme exemple, est présentée dans la (Figure 4).



**Figure 04 : L'évolution des stades de développement du blé (Manon, Elena. 2013)**

L'ensemble des étapes de croissance et de développement représente le cycle biologique naturel de la plante, qui va ainsi de l'implantation à la maturité. Dans le cas d'une plante annuelle, le cycle biologique se termine par la mort de tous les organes. Lorsque la plante est Pluriannuelle, on observe une succession d'états végétatif et reproducteur qui alternent. Cette alternance assure la pérennité de la plante étant donné qu'avant la maturité des organes reproducteurs il y a apparition d'un nouvel état végétatif. La dissémination des plantes se fait par graines, par propagation végétative ou par les deux voies à la fois (Bahlouli. 2005).

## V- Importance et intérêt du blé

Le *Tritium* occupe une importante place parmi les céréales dans le monde. Le grain du blé dur sert à la production de pâtes alimentaires, du couscous, et à bien d'autres mets comme le pain. Il est utilisé pour préparer les chappattis dans le sous-continent indien et tortillas en Amérique Central et du Sud(Pena & Pfeiffer.2005). La paille est utilisée comme litière et comme aliment pour les animaux (Bahlouli et al. 2005).

Le blé dur à une grande valeur nutritionnelle, suite à sa richesse en protéines et la présence du gluten, qui donne aux pâtes alimentaires un meilleur terme à la cuisson, il renferme en plus d'acides aminées, des lipides, des glucides, quelques sels minéraux et des vitamines (Pena & Pfeiffer.2005). Donc c'est l'une des principales ressources alimentaires de l'humanité.

### 1. Situation Mondiale Actuelle

Le Bulletin sur l'offre et la demande de céréales a pour objet de communiquer des prévisions actualisées sur le marché mondial des céréales (Figure 05). Il est complété par une évaluation détaillée de la production ainsi que des conditions de l'offre et de la demande de céréales par pays et par région, publiée dans le bulletin trimestriel Perspectives de récoltes et situation alimentaire. Des analyses plus approfondies des marchés mondiaux des céréales ainsi que d'autres denrées alimentaires de base sont publiées deux fois par an dans les Perspectives de l'alimentation (FAO, 2017).





Figure 05 : Bulletin de la FAO sur l'offre et la demande du blé (FAO,2017)

En dépit d'une production mondiale de céréales qui devrait diminuer en 2017, l'offre restera sans doute abondante et les stocks de clôture de la prochaine saison devraient rester proches de leurs niveaux d'ouverture record. En 2017-2018, le rapport stock/utilisation de céréales pourrait cependant passer légèrement en dessous du niveau de la campagne en cours pour s'établir à 25,8 pour cent (FAO, 2017).

### 1.1. Production

Les perspectives de la FAO concernant la production mondiale de céréales en 2017 ont été légèrement relevées (0,1 pour cent) par rapport à avril, mais une baisse de 0,4 pour cent de la production mondiale par rapport au niveau record de 2016 est toujours envisagée – Tableau 04 ).

En 2017, la production de blé devrait baisser de 20 millions de tonnes environ (2,6 pour cent) et s'établir à 740 millions de tonnes, à quelques unités du niveau record de 2016, ce qui correspond pratiquement aux projections du mois dernier. La révision à la baisse des estimations de production en glissement annuel résulte d'une baisse du volume des récoltes en Australie, au Canada, en Fédération de Russie et aux États-Unis, que l'augmentation des récoltes dans l'Union européenne, en Inde et au Maroc est loin de compenser. Les échanges mondiaux de céréales en 2017-2018 devraient baisser de 2,2 pour cent sur un an, pour s'établir à 386 millions de tonnes environ.

Les échanges internationaux de blé devraient diminuer de 2,2 pour cent en 2017-2018 (juillet/juin), pour s'établir à 170 millions de tonnes. L'Union européenne devrait retrouver sa position de plus gros exportateur mondial de blé, avec 29,7 millions de tonnes. Elle dépasserait les exportations de la Russie de 1,0 million de tonnes en 2017-2018 (FAO, 2017).

## 1.2. Consommation

Selon les projections de la FAO, pourtant légèrement revues à la baisse par rapport au mois dernier, l'utilisation mondiale de céréales en 2017-2018 devrait croître d'un pour cent sur un an. L'utilisation de blé devrait s'établir à 731 millions de tonnes en 2017-2018, un chiffre inférieur à celui annoncé en avril, et l'offre abondante de céréales secondaires devrait encore faire reculer l'utilisation de blé dans l'alimentation animale (FAO, 2017).

## 1.3. Les stocks

Après un ajustement à la hausse de 1,4 pour cent par rapport au mois dernier, les projections de la FAO concernant les stocks mondiaux de céréales à la clôture, en 2018, indiquent que ceux-ci devraient être quasiment équivalents à leurs niveaux d'ouverture.

Les stocks mondiaux de blé (clôture en 2018) devraient augmenter de 3,3 pour cent et s'établir à un nouveau niveau record de 247,6 millions de tonnes – Tableau 05 ). Cette augmentation en glissement annuel est en grande partie imputable à l'augmentation des stocks en Chine et, dans une moindre mesure, dans l'Union européenne, au Maroc et en Fédération de Russie(FAO,2017)..

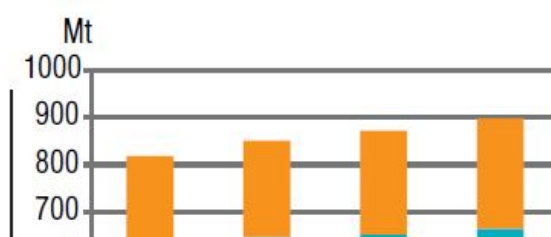
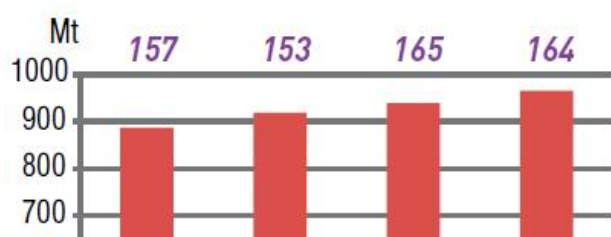
La récolte des grains d'hiver commence normalement à la mi-juin et se poursuit jusqu'à la mi-août. Les conditions de récolte actuelles dans la partie nord-ouest du pays sont généralement favorables avec de bons niveaux d'humidité du sol en raison de pluies abondantes au cours des trois premiers mois de l'année, éliminant la sécheresse causée par des pluies irrégulières à l'automne, ce qui a entraîné des plantations retardées dans certaines régions. Au nord-est, la distribution des précipitations est restée moins régulière et, à la fin d'avril, il faut plus de précipitations pour une continuation normale de la saison.

Étant largement pluviale, la production céréalière en Algérie est très variable. Environ les deux tiers de la production de blé du pays est le blé "drums"(FAO,2017).

Tableau 04 : Marché mondiale des céréales (FAO,2017)

Marché mondial des céréales						
	2013/14	2014/15	2015/16	2016/17 estimation	2017/18 prévision	
					précédente (06 avr 2017)	dernière (04 mai 2017)
( ..... millions de tonnes ..... )						
Production <sup>1</sup>	2 520.8	2 566.7	2 535.2	2 609.0	2 596.8	2 598.7
Disponibilités <sup>2</sup>	3 051.0	3 157.9	3 183.7	3 268.5	3 278.6	3 288.6
Utilisation	2 430.5	2 506.2	2 514.3	2 568.8	2 597.2	2 595.2
Commerce <sup>3</sup>	364.0	378.6	394.0	395.3	392.5	386.8
Stocks de clôture <sup>4</sup>	591.3	648.4	659.6	689.9	681.5	689.1
( ..... pour cent ..... )						
Rapport stocks mondiaux- utilisation	23.6	25.8	25.7	26.6	25.4	25.8
Rapport stocks des principaux exportateurs- utilisation totale <sup>5</sup>	17.8	18.0	15.9	17.2	16.7	16.8

Marché mondial du blé						
	2013/14	2014/15	2015/16	2016/17 estimation	2017/18 prévision	
					précédente (06 avr 2017)	dernière (04 mai 2017)
( ..... millions de tonnes ..... )						
Production <sup>1</sup>	711.4	730.8	735.4	760.3	739.9	740.4
Disponibilités <sup>2</sup>	882.9	912.0	934.7	979.6	980.3	980.0
Utilisation	694.0	714.2	711.8	732.0	734.7	731.0
Commerce <sup>3</sup>	158.2	156.6	166.8	173.8	169.0	170.0
Stocks de clôture <sup>4</sup>	181.1	199.2	219.3	239.6	246.5	247.6
( ..... pour cent ..... )						
Rapport stocks mondiaux- utilisation	25.4	28.0	30.0	32.8	32.6	32.8
Rapport stocks des principaux exportateurs- utilisation totale <sup>5</sup>	14.4	16.3	16.6	19.7	18.8	19.1



## **2. Situation Nationale Actuelle**

### **2.1. La production**

La récolte céréalière de 2016 a été estimée par le gouvernement à environ 3,3 millions de tonnes, soit 19 pour cent de moins que la récolte de 2015 et 23 pour cent de moins que la moyenne quinquennale précédente (2011-2015). Les régions du nord-ouest et du nord de la région algérienne ont été affectées par la sécheresse, ce qui a considérablement diminué les rendements. Une reprise de la production est attendue en 2017 malgré les poches de sécheresse au Nord Est.

Dans le secteur, dans le cadre du plan quinquennal couvrant 2015-2019, le gouvernement prévoit de doubler la production céréalière du pays de 3,4 millions de tonnes en 2014 à près de 7 millions de tonnes en 2019. Les instruments à appliquer sont l'expansion de la production Une superficie irriguée de 1 million d'hectares supplémentaires et la répartition améliorée des engrais et des semences certifiées(FAO,2017).

### **1.1. L'importation**

Même en années de production domestique suffisante, l'Algérie dépend fortement des importations de céréales du marché international, le blé commun étant le plus important. Au

cours des cinq dernières années, le pays a importé en moyenne près de 6 millions de tonnes de blé par année, soit 70 pour cent de son utilisation domestique.

L'exigence d'importation de blé pour 2016/17 (juillet / juin) est estimée à 8,3 millions de tonnes, légèrement supérieure aux importations de l'année dernière. L'Algérie importe le blé de la France, du Canada, de l'A Allemagne, des États-Unis d'Amérique, de l'Espagne et du Mexique (FAO,2017).

## I- Notion du stress

Tous les organismes subissent des modifications/perturbations de leurs conditions de vie, liées par exemple à des changements de leur environnement. Ces stress biotiques et abiotiques peuvent induire un dysfonctionnement cellulaire allant jusqu'à la mort des cellules. Le stress chez les plantes apparaît avec des significations différentes en biologie, qui convergent principalement en attribuant le stress à n'importe quel facteur environnemental défavorable pour une plante (Levitt.1989).

Un stress se définit aussi par son intensité, sa durée, le nombre d'expositions ainsi que par son association à d'autres stress (Bray & Ziegler. 1989) et son effet dépend de son degré, le stade de développement de la plante, le génotype et son interaction avec l'environnement (Yakota et al. 2006). Selon (Jones et al. 1989) un stress désigne à la fois l'action d'un agent agresseur et les réactions qu'il entraîne dans l'organisme agressé, une force qui tend à inhiber les systèmes normaux. D'autre part, les stress environnementaux nés de la fluctuation des facteurs abiotiques (sécheresse, salinité et température) et biotiques affectent les conditions de croissance, le développement et le rendement des plantes (Madhara et al. 2006).

Les facteurs de stress agissent rarement seuls ou de façon constante tout au long du développement des végétaux, ce qui complique l'étude physiologique des stress chez ces derniers. La complexité de la réponse biologique au stress rend souvent difficile à discerner la cause et les effets du stress (Jones et al.1989).

## II- Les Différents types de stress

- **Stress physiques** : déshydratation (dessiccation), température élevée ou gel, choc osmotique, variation de pH, conditions de lumière, rayonnement UV, radioactivité, traitements mécaniques
- **Stress chimiques** : salinité, métaux lourds, effet de l'ozone, déséquilibre de la balance de minéraux nutritifs.

### III- Les contraintes Abiotiques

Les principales contraintes abiotiques des zones céréalières sont :

- ✓ Une succession de périodes sèches de durées et de fréquences variables ;
- ✓ Des gelées hivernales et printanières ;
- ✓ Des températures élevées et siroccos ;
- ✓ Des sols salins ;

Ces contraintes impliquent la mise au point de variétés suffisamment tardives pour éviter les effets de gels tardifs et assez précoces pour échapper aux effets des hautes températures. En effet le programme de sélection et d'amélioration vise essentiellement à développer des variétés précoces avec la perspective d'éviter les gelées tardives et en conséquence d'éviter également les sécheresses terminales.

#### 1. Le stress hydrique

L'eau constitue le milieu interne des plantes. C'est une véritable matrice vitale du fonctionnement cellulaire. A l'exception des grains mûrs, les différents organes de la plante renferment entre 80 et 90 % d'eau d'imbibition. Cette eau est nécessaire au fonctionnement de la plante. L'eau d'imbibition qui s'évapore suite à la transpiration est renouvelée en permanence par l'eau absorbée par les racines. Lorsque l'absorption ne peut satisfaire la demande de la transpiration, alors le stress hydrique s'installe (Levitt.J, 1989).

Les besoins en eau du blé atteignent des valeurs très importantes, au regard des quantités de pluies que reçoit l'étage bioclimatique semi-aride. Ces besoins sont fonction du type de variétés, et varient de 450 à 600 mm Sous conduite pluviale et sur les hautes plaines orientales, ces besoins sont rarement satisfaits suite à la faiblesse et à l'irrégularité des pluies (Baldy et al. 1993). La phase critique pour l'eau débute avec le stade gonflement et se termine vingt jours après l'épiaison, date de réalisation du palier hydrique (Oweiss& Zhang. 1989).

Le régime des pluies méditerranéennes est très irrégulier dans l'espace et le temps. L'efficacité de ces pluies pour la céréale dépend fortement des techniques culturales appliquées, des caractéristiques hydrodynamiques des sols et du rythme de développement de la variété cultivée (Kribaa. 2002). La fréquence des événements pluvieux tend à décroître à

partir du mois d'avril, alors que la température devient de plus en plus forte (Mekhlouf et al. 2006).

### **1.1. Définition Du Stress Hydrique (Notion de la sécheresse)**

Le terme général de sécheresse recouvre des notions différentes. Nous distinguerons un manque d'eau ponctuel (sécheresse) d'un déficit en eau structurel (aridité). L'aridité est un déficit systématique de pluviométrie (Bousbaa. 2012).

La notion de stress hydrique a toujours été assimilée à la notion de sécheresse qui est définie par l'état de pénurie hydrique dont souffre la culture. Autrement dit : Il y'a sécheresse dès lors que l'eau devient facteur limitant de la croissance et du rendement (Bousbaa. 2012).

Le stress hydrique se rencontre en période de sécheresse mais aussi par augmentation de la salinité du milieu ou en période de froid (Bousbaa et al. 2009). D'un point de vue physique, le stress hydrique résulte d'un abaissement du potentiel hydrique de la plante en dessous d'une certaine valeur dépendante du génotype et des caractéristiques du milieu, il constitue enfin le principal facteur limitant la croissance et les rendements des céréales (Turner et al. 1979). Le terme de déficit hydrique se rapporte à l'état physiologique de la plante lorsque les conditions d'eau sont défavorables à la croissance optimum (Bousbaa. 2012).

### **1.2. Effet du stress hydrique sur la plante**

Selon le stade végétatif où il survient, le stress hydrique affecte différemment la plante. Au stade montaison, il provoque un arrêt de croissance des tiges. Il s'ensuit une diminution du nombre de talles fertiles dont la conséquence est une réduction du nombre de grains /m<sup>2</sup>. Au stade floraison, c'est la destruction des organes floraux qui prédomine et au cours de remplissage du grain, il y a une diminution du niveau et de la durée du pallier hydrique, dont la conséquence est une chute de poids moyen du grain (Triboi et al. 1985).

La croissance des plantes est contrôlée directement par le déficit hydrique du sol Car il réduit la croissance des jeunes pousses, la division cellulaire, la taille des feuilles, leur surface verte et la teneur en eau de tous les organes de la plante. Le stress hydrique diminue l'indice foliaire et la durée de vie de la feuille (Levitt. 1989). Au niveau de la plante de nombreuses modifications physiologiques sont provoquées par la sécheresse comme l'augmentation du taux d'acide Abscisique, l'activité photosynthétique, la fermeture des stomates, l'ajustement osmotique et l'accumulation de solutés comme la proline et les sucres solubles ...etc.(Levitt.



1989). Un déficit hydrique s'accompagne en plus de la perte de turgescence des cellules, d'une fermeture des stomates qui est une réponse automatique dont le but est de minimiser les pertes d'eau par transpiration (Triboi et al. 1985).

Chez les céréales, le rendement en grains dépend du génotype, de l'environnement et de la disponibilité en éléments minéraux du sol. Le déficit hydrique, de nature intermittente, est une des principales causes des pertes de rendement du blé dur, pouvant aller jusqu'au sinistre total. Il affecte toutes les composantes du rendement et en particulier le nombre de grains par épi et le poids moyen du grain (Bousbaa. 2012).

## 2. Le stress thermique

Comme toute plante, le blé dur a un optimum écologique du point de vue température. Au-delà de cet optimum, la plante souffre et elle est pénalisée d'autant plus que les valeurs prises par ce facteur écologique s'en écarte trop.

### 2.1. Définition du stress thermique

La température rythme la croissance et le développement de la plante. Son action est permanente tout le long du cycle. Elle conditionne l'absorption des éléments nutritifs, l'activité photosynthétique, l'accumulation de la matière sèche et le passage d'un stade végétatif à un autre (Mekhlouf et al. 2006).

### 2.2. Effet du stress thermique

**Les basses températures :** Le degré de sensibilité de la céréale au froid est très variable dans le temps et fonction des stades végétatifs. Les basses températures hivernales entravent la croissance, en début du cycle des génotypes sensibles et sont nécessaires pour la satisfaction des besoins des variétés vernalles (Bouzerzour et al. 1995). Lorsqu'elles se présentent tardivement au printemps, leur avènement coïncide avec le stade méiose, elles détruisent alors les grains de pollen et les ovaires (Abbassenne et al. 1997).

Les blés cultivés traditionnellement dans le bassin méditerranéen sont de type semi-alternatif. Leur floraison est assez tardive leur permettant d'échapper aux basses températures printanières. L'adoption de cultivars de type printemps, insensible à la photopériode et aux besoins négligeables en températures vernalles sur les hautes plaines orientales ont montré le risque des épiaisons précoces induites, chez de tels génotypes, par des températures hivernales plus douces (Mekhlouf et al. 2006).

L'analyse d'un croisement diallèle de blé dur, montre que le contrôle génétique de la tolérance au froid est de nature additive. Les résultats de l'analyse de substitution chromosomique montrent qu'aux moins dix chromosomes interviennent dans le contrôle de la tolérance au froid et que les chromosomes 5D et 5A sont les plus actifs (Mekhlouf et al. 2006) notent une grande variabilité de réponses des génotypes de blé dur vis à vis de cette contrainte.

**Les hautes températures :** Les hautes températures interviennent aussi comme contrainte limitant le potentiel de production des zones semi-arides. Elles affectent les organes floraux, la formation du fruit, ainsi que le fonctionnement de l'appareil photosynthétique. Au cours de la montaison, elles entraînent la réduction du tallage-épi.

Globalement les températures élevées réduisent la taille et le poids des organes. Leur incidence demeure plus faible sur le nombre d'organes émis. Les variétés tardives sont généralement celles qui sont les plus exposées à ce type de contrainte. Sous ces conditions limitatives, elles accusent des baisses de rendements liés à la coïncidence de la phase de remplissage avec la période d'élévation de la température (Bouzerzour et al. 1995).

### **3. Les principales contraintes liées à la production du blé en Algérie**

La faiblesse de la production céréalière et particulièrement celles des blés et des orges est due à plusieurs facteurs dont les plus importants sont considérés être : les pratiques culturales, les aléas climatiques et les variétés anciennes à faible rendement (Benbelkacem. 2000).

Un autre élément parmi les plus contraignant de la production céréalière et non des moindres est le parasitisme du essentiellement aux maladies et insectes. Les maladies fongiques du blé causent des pertes de rendement pouvant atteindre 30% en cas de développement épidermique (Eyal et al. 1987).

## **IV- Les mécanismes d'adaptation aux stress**

### **1. La Réponse de plant aux stress**

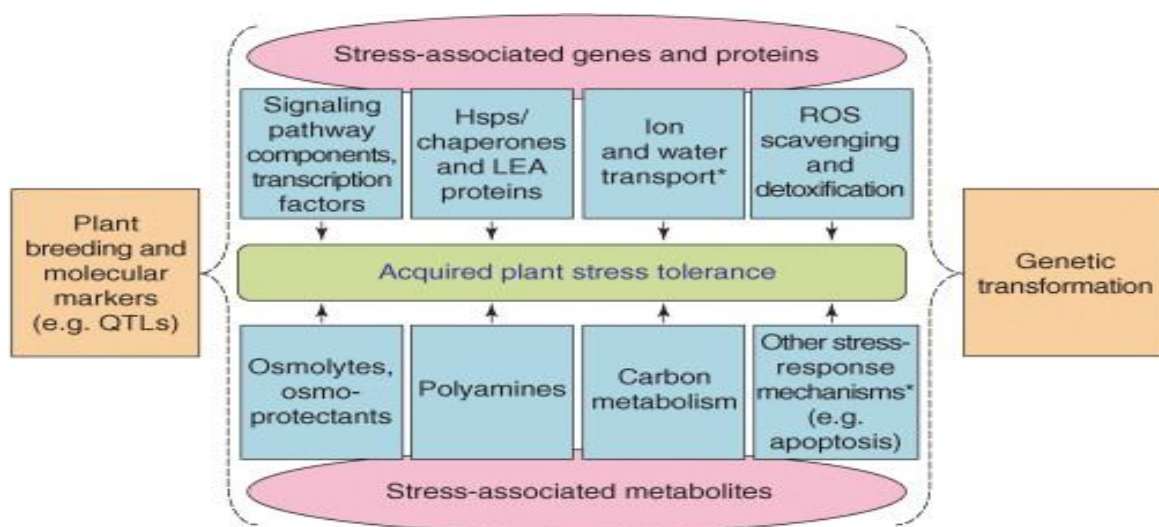
Pour lutter contre une contrainte, les plantes développent plusieurs stratégies adaptatives qui varient en fonction de l'espèce et des conditions du milieu (Esquive, évitement et tolérance) (Turner.N.C, 1986). Le mécanisme de l'esquive se traduit par une résistance apparente qui résulte d'un décalage entre la période du développement de la présence de

l'agent du stress. La tolérance est la capacité des plantes à supporter l'invasion des agents de stress sans conséquences importantes. Les plantes tolérantes sont capables de se développer malgré la présence de contrainte. Cette tolérance peut résulter d'effets de l'environnement. L'hypersensibilité se traduit par une mort brutale des cellules de la plante attaquée là où le pathogène a essayé de pénétrer dans le tissu. Une zone nécrotique localisée se forme et arrête le développement de la maladie.

La résistance est le mécanisme par lequel les plantes peuvent s'opposer à (ou surmonter) l'attaque des agents pathogènes. Elle est hautement variable et peut aller de la sensibilité totale à l'immunité (résistance complète). Une plante peut être plus ou moins sensible ou plus ou moins résistante mais jamais plus moins immune (elle est soit immune soit non immune). L'origine de la résistance peut être d'ordre anatomique (épaisseur des téguments, fermeture des stomates, etc...), ou peut résulter de la production par l'hôte de substances inhibitrices empêchant le développement de la maladie.

## 2. La résistance et la tolérance aux stress

La résistance des plantes aux stress biotiques et abiotiques est un caractère multigénique qui dépend de la combinaison d'un grand ensemble de gènes, de protéines et de voies métaboliques qui agissent de concert. Les changements (tant qualitatifs que quantitatifs) au niveau des protéines en réponse aux stress, permettent une modulation des voies métaboliques et donc une meilleure protection de l'organisme (Turner, 1986).



Current Opinion in Biotechnology

Figure 07 : La tolérance des plantes aux stress (Vinocur & Altman, 2005)

Ces éléments démontrent que les plantes ont développé des mécanismes cellulaires de réponse aux stress particulièrement flexibles qui leur permettent de s'adapter efficacement à ces stress. La tolérance des plantes aux stress peut être aussi acquise par une combinaison de diverses approches expérimentales :

- L'ingénierie génétique
- La sélection / reproduction
- L'utilisation de marqueurs génétiques
- Le repérage de loci de caractères quantitatifs (QTL - "quantitative trait loci")
- Accumulation de protéines ; HSP : heat shock proteins
- LEA : late embryogenesis abundant

### 3. L'Adaptation moléculaire

La résistance du blé dur aux stress de l'environnement est un phénomène très complexe qui fait intervenir plusieurs caractères phénologiques, morphologiques, physiologiques et biochimiques. Mais le mécanisme adaptatif qui détermine le rendement en conditions de stress n'est pas encore élucidé (Bousba et al. 2012)

Les protéines en occurrence, restent très informatives du fait qu'elles constituent des produits de l'information génétique portée par l'ADN d'un individu. L'ADN, bien qu'il code pour un même produit, peut porter des variations (mutations) significatives d'un individu (ou d'un groupe) à un autre. L'ensemble des protéines synthétisées dans l'organisme peut être caractéristique pour un individu donné.

L'amélioration des plantes (Eagles et al. 2001) est basée sur l'utilisation de la variabilité génétique naturelle et sur des méthodes d'exploitation rapides et fiables de cette diversité dans les programmes de sélection. Les marqueurs moléculaires, directement issus du polymorphisme existant au niveau de l'ADN, sont désormais utilisés fréquemment pour l'analyse des ressources génétiques et dans les programmes d'amélioration des plantes. Leurs caractéristiques permettent de les séparer en deux familles (Santoni et al. 2000).

Les caractères moléculaires sont de bons marqueurs génétiques : ils révèlent directement la nature génétique de l'information. Ceci les différencie des caractères morphologiques, physiologiques et plus généralement de tous les caractères phénotypiques, dus à une addition d'effets génétiques et non-génétiques. Cet aspect génétique leur confère un avantage du point de vue de la reconstruction de phylogénies (Gallais. 2013).

Au niveau du blé et de l'orge, plusieurs auteurs ont rapporté que les effets génétiques qui régularisent la réponse à la sécheresse, la salinité et le froid ont été assemblés dans un même chromosome (Cattiveli et al. 2002). Actuellement, les marqueurs moléculaires permettent aux améliorateurs d'identifier les loci qui contrôlent la tolérance à la sécheresse et à d'autres caractères agronomiques.

## I- Les marqueurs moléculaires

### 1. Le principe du marquage moléculaire

Dans tous les cas, une méthode de marquage doit satisfaire deux objectifs : premièrement, cibler une ou plusieurs positions sur le génome, à laquelle on souhaite détecter du polymorphisme, c'est ce que l'on peut appeler la spécificité de locus, et deuxièmement, pouvoir ensuite distinguer les différentes séquences qui caractérisent les allèles à ce locus chez différents individus (Gallais. 2013).

**a. Spécificité du Locus** Pour cibler une analyse sur un endroit particulier du génome, on doit utiliser la propriété qu'a l'ADN de créer des liaisons très solides entre brins de séquences complémentaires. Ce principe d'hybridation des brins complémentaires permet par exemple de fixer une sonde d'ADN marquée complémentaire de la séquence du locus à cibler sur le point du génome ou l'on souhaite révéler du polymorphisme (Gallais. 2011).

Cette approche, caractéristique des premières générations de marqueurs moléculaires type RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) est aujourd'hui généralement remplacée par la PCR (Polymerase Chain Reaction). Cette technique, a été à l'origine d'une véritable révolution de la biologie moléculaire. Elle permet de synthétiser *in vitro* des millions de copies d'un fragment d'ADN situé entre deux séquences connues d'une vingtaine de bases chacune (Gallais. 2013).

**b. Spécificité d'Allèle** Une fois le locus amplifié par PCR, le problème est de distinguer des différences dans la séquence du produit PCR entre différents individus. Différents types d'électrophorèse permettent de mesurer la longueur du produit de la PCR et de distinguer les allèles (Gallais. 2011). Plus simplement, si l'on met en concurrence deux sondes très courtes contenant chacune l'un des allèles entouré d'une vingtaine de bases de chaque côté, celle des deux sondes qui correspond au bon allèle s'hybridera préférentiellement à l'ADN de l'échantillon à génotyper (Gallais. 2013).

#### 1.1. Que ce qu'un marqueur moléculaire ?

L'ADN, constituant des chromosomes, contient l'information génétique d'un individu. Un marqueur moléculaire est une séquence (un fragment) d'ADN présentant des variations d'un individu à l'autre. Lorsque l'on parle de l'utilisation de marqueurs moléculaires, il s'agit de l'utilisation d'une technique permettant de visualiser ces différences (Gallais. 2013). Alors,

un marqueur moléculaire est un Fragment spécifique d'ADN pouvant être identifié au sein du génome complet (Prat et al. 2006).

### 1.2. Les qualités d'un bon marqueur moléculaire

Les marqueurs moléculaires idéaux pour les études de structuration génétique de populations sont ceux présentant les caractéristiques suivantes :

- Reproductible.
- Economique.
- De Répartition uniforme dans le génome.
- Multi-allélique et Polymorphe : la matière première du généticien est la variabilité.
- Co dominant : l'hétérozygote présente simultanément les caractères des deux parents homozygotes, il peut donc être distingué de chacun des homozygotes parentaux.
- Non épistatique : son génotype peut être lu à partir de son phénotype quel que soit

Le génotype aux autres locus. La codominance et la non-épistasie peuvent être respectivement définies comme l'absence d'interactions intra et inter locus ;

- Neutre : les substitutions alléliques au locus marqueurs n'ont pas d'autres effets Phénotypiques (donc éventuellement sélectifs) que ceux qui permettent de déterminer son génotype. Dans leur très grande majorité, les polymorphismes moléculaires sont neutres.
- Insensible au milieu : le génotype peut être inféré à partir du phénotype quel que soit le milieu (vienne. 1998).

## 2. Les différents types de marqueurs moléculaires :

De nombreuses techniques de marquage moléculaire sont aujourd'hui disponibles, et de nouvelles techniques sont régulièrement publiées (Gupta et al. 2001). Les marqueurs moléculaires proviennent du polymorphisme détecté au niveau des molécules d'ADN nucléaire, chloroplastique et mitochondrial. Ils sont d'un cout souvent plus élevé que les marqueurs biochimiques comme les isoenzymes ou les terpènes mais ils permettent une inférence génétique plus précise basée sur un échantillon beaucoup plus large de locus (Santoni et al. 2000).

Ces méthodes peuvent être regroupées en deux grandes catégories : les marqueurs de type RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphisme) et les marqueurs basés sur la méthode de PCR (Polymérase Chain Réaction). Le choix du système de marquage dépend de l'objectif précis fixé, des moyens et des compétences disponibles au laboratoire (Gupta et al. 1999).

### 2.1. Marqueur moléculaires RFLP détectable par southern

La technique RFLP développée par (Botstein et al.1980) repose sur la mise en évidence de la variabilité de la séquence nucléotidique de l'ADN génomique après digestion par des enzymes de restriction. Une multitude de fragments d'ADN de tailles variables est générée par digestion enzymatique, puis séparée sur gel d'agarose et transférée par capillarité sous forme dénaturée sur une membrane de nylon.

Cette membrane est mise en contact avec une solution contenant un fragment d'ADN ou sonde qui permet de repérer, par hybridation moléculaire, des fragments d'ADN génomique qui lui sont homologues. La différence entre deux génotypes est révélée par autoradiographie si la sonde est marquée par la phosphore radioactif ou par réaction colorée si elle est associée à un conjugué enzymatique.

Le polymorphisme détecté est dû à des mutations au niveau des sites de restriction de l'enzyme (polymorphisme de site de restriction) et/ou à des délétions /insertion d'un fragment d'ADN au voisinage de la zone génomique reconnue par la sonde. C'est le couple enzyme/sonde qui constitue le marqueur (Figure 08).

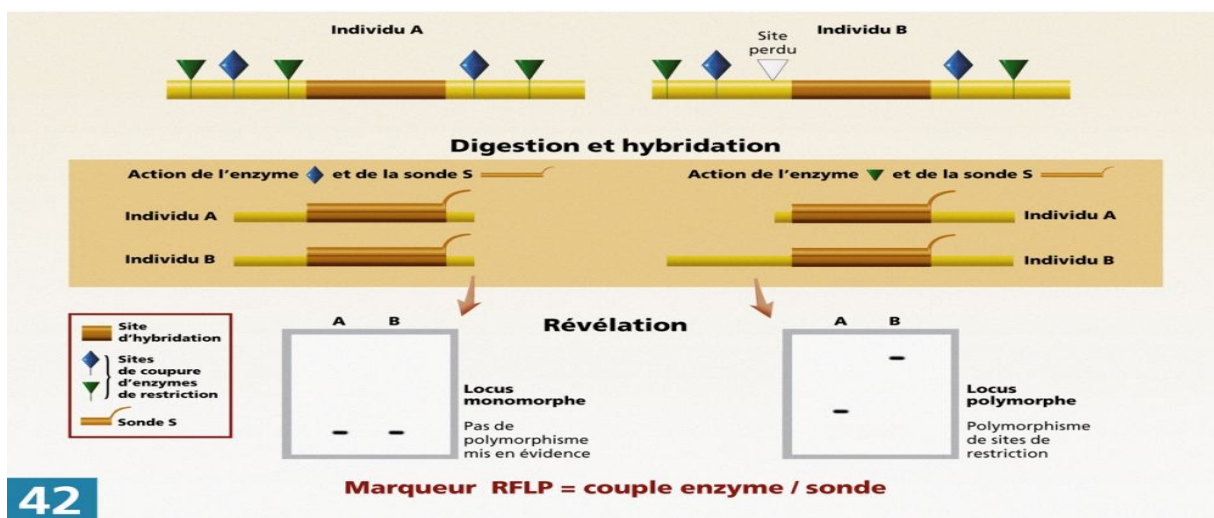


Figure 08 : Schéma de la réaction du Polymorphisme de Longueur des Fragments



## 2.2. Marqueur de type PCR

Le développement de la technique PCR offre l'avantage d'analyser les marqueurs moléculaires en un temps court tout en utilisant des concentrations faibles d'ADN. Les marqueurs basés sur la technique PCR tendent à remplacer les systèmes classiques (les marqueurs morphologiques, iso-enzymatique et RFLP) et deviennent très nombreux. Les plus largement utilisés chez le blé sont les microsatellites ou SSR (Simple Sequence Repeat) ; L'AFLP, (Amplified Fragment Length polymorphisme) et la RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA).

### 2.2.1. Les microsatellites ou SSRs

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

Si les SSRs constituent de bons marqueurs moléculaires (reproductibles, codominants et aisés d'utilisation), leur caractérisation initiale est toutefois assez lourde. En effet, leur production doit passer d'abord par le clonage et le séquençage de ces éléments répétés (Parker & Langridge. 2000) (Figure 09).

- ✓ Application des microsatellites
- ✓ Génotypage des individus
- ✓ Evaluation des ressources génétiques
- ✓ Diversité génétique
- ✓ Cartographie des génomes
- ✓ Etude phylogénétiques
- ✓ Etude d'évolution

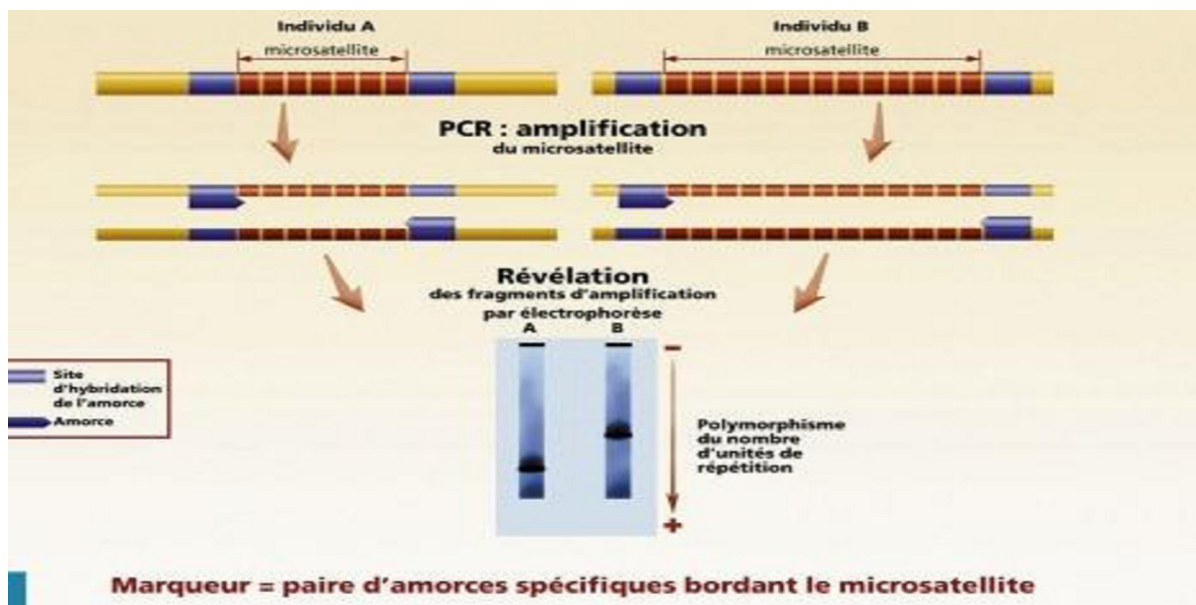


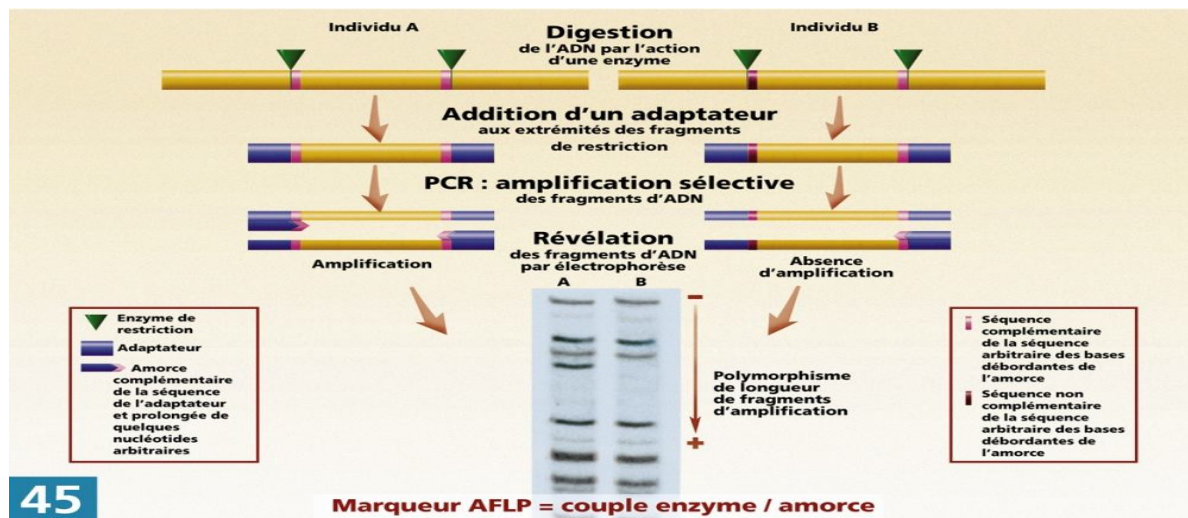
Figure 09 : schéma de la réaction microsatellite SSRs (Gnis-pedaagogie. 2017)

### 2.2.2. La technique AFLP

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

L'ADN génomique est clivé par deux enzymes de restriction. Des adaptateurs de séquences connues et spécifiques des enzymes de restriction utilisées sont ajoutés aux extrémités des fragments de restriction générant ainsi une matrice pour l'amplification. Une première amplification, dite pré-amplification, est réalisée à l'aide d'amorce de séquences complémentaires à la séquence des adaptateurs et des sites de restriction. La deuxième amplification, dite sélective, utilise des amorces identiques aux premières mais prolongées à l'extrémité 3' de quelques nucléotides arbitraires (de 1 à 3 nucléotides).

Ainsi, seuls sont amplifiés les fragments possédant les bases complémentaires de ces bases arbitraires. Ces amorces sélectives permettent de réduire le nombre de fragment



amplifiées à une centaine. Ces fragments sont séparés par électrophorèse sur gel d'acrylamide dénaturant puis visualisés par coloration au nitrate d'argent ou révélés grâce à un marquage radioactif ou fluorescent réalisé lors de l'amplification sélective. C'est la combinaison enzyme de restriction/amorce qui permet de révéler le polymorphisme entre les individus et constitue donc le marqueur (Figure 10).

Cette technique est puissante, stable et rapide. En outre, l'AFLP ne nécessite aucune connaissance préalable de séquence du génome de la plante étudiée ni la construction des banques génomiques ou cDNA, à l'encontre des SSR OU des RFLP.

Elle connaît une large application dans le fingerprinting, l'identification des cultivars et la détermination de leur relation phylogénétique, la cartographie des génomes et le clonage. Toutefois, la dominance, le coût élevé et les difficultés technique liées au marquage par AFLP limitent son utilisation à grande échelle pour des applications comme la sélection assistée par marqueur (Vos et al. 1995) (Figure 10).

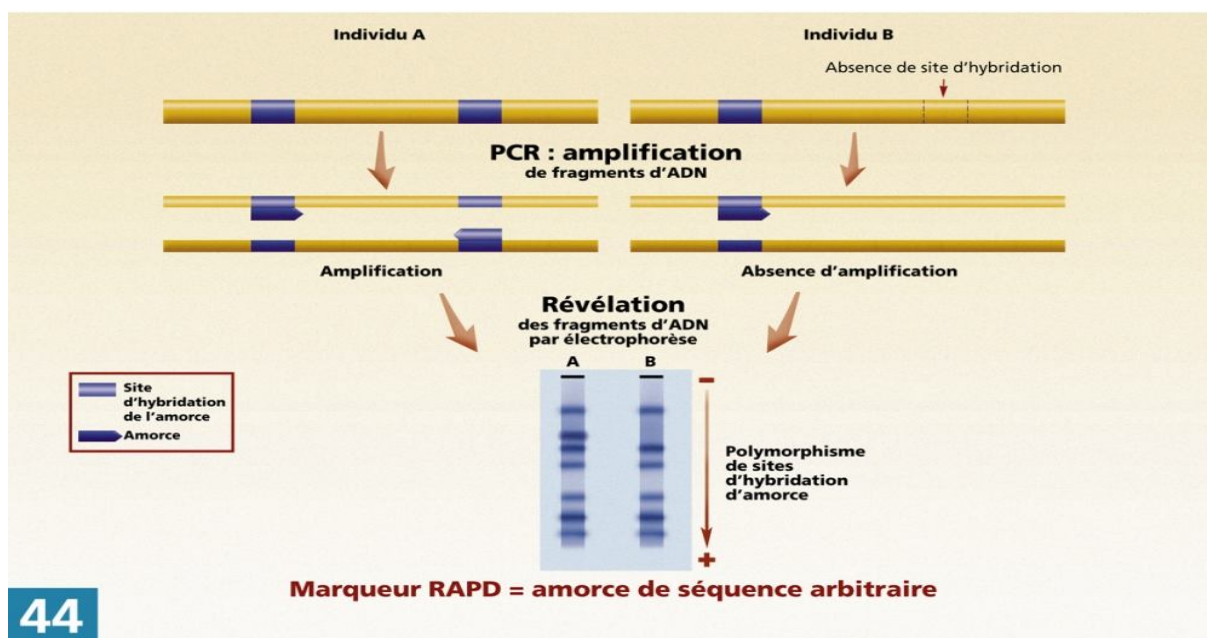
### 2.2.3. La technique RAPD

Elle consiste en l'amplification par PCR de fragments de l'ADN génomique en utilisant des amorces arbitraires de taille courte (10pb). Une amorce RAPD permet généralement

l'amplification d'une dizaine de fragments correspondant à des locus dominants. Les produits d'amplification sont généralement visualisés par Electrophorèse sur gel d'agarose.

Le polymorphisme révélé est un polymorphisme de sites d'hybridation d'amorce, il est dû à des mutations soit dans les régions amplifiées soit au niveau des sites de fixation des amorces, et il se traduit par la présence ou l'absence de bande chez les différents génotypes (Santoni et al. 2000), les amorces constituent donc le marqueur (Figure 11).

Cette technique est simple, rapide et ne nécessite ni un marquage radioactif ni une connaissance préalable de la séquence nucléotidique. Néanmoins, la RAPD manque de reproductibilité puisqu'elle est très sensible à concentration de l'ADN et aux conditions d'amplification. (Figure 11) (Williams et



al. 1990).

#### 2.2.4. Les marqueurs ISSR (Inter-Simple Sequence Repeat)

Les marqueurs ISSR, liés aux séquences ou nucléotide de l'espace présent entre les séquences simple répétées (SSRs) dans le génome, sont basés sur de de 2le polymorphisme de taille de 200 à 2500pb le long de ces espaces inter-microsatellites amplifiables par une seule amorce PCR (Zietkiewicz, Rafalski, & Labuda, 1994). En général, les locus microsatellites sont régulièrement distribués en grand nombre à travers le génome d'eucaryote, fournissant ainsi un pool riche en potentiels marqueurs ISSR convenables pour révéler la diversité étroitement associée aux accessions (Wiesner&Wiesnerova. 2003).

En effet, cette amplification ISSR est définie par variation des PCR qui utilisent des amorces à simple séquence répétée comme [AC] n, Pour amplifier les régions situées entre les séquences microsatellites (Kahl. 2001). Selon (Zietkiewicz et al. 1994) La production des marqueurs ISSR est, par rapport aux marqueurs AFLP, SSR et RFLP, moins couteuse, rapide et facile à optimiser. Par ailleurs, ils sont considérés plus reproductible que ceux de RAPD et détectent un grand polymorphisme génomique que les marqueurs RFLP (Zietkiewicz et al. 1994).

La technique ISSR a été largement et diversement appliquée dans l'étude de la variabilité génétique des plants et la caractérisation de certains organismes fongique (Grünig et

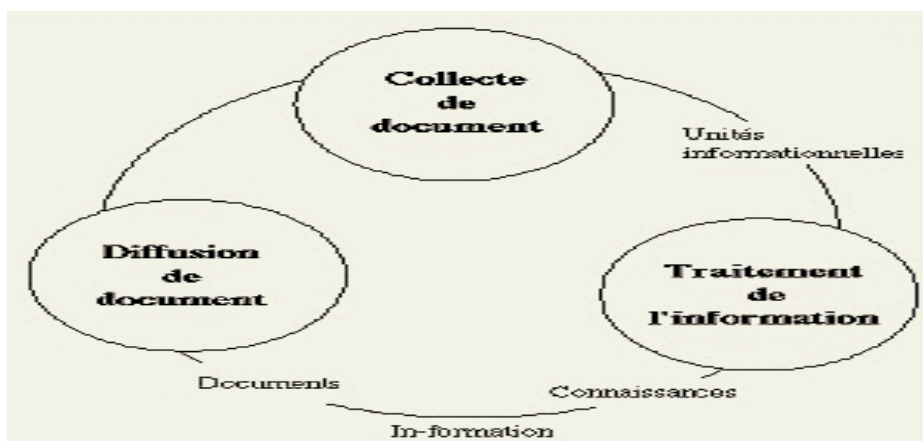
Marqueur	Avantages	Inconvénients
RFLP	<ul style="list-style-type: none"> <li>-La RFLP est une méthode fiable et facilement transférable entre laboratoire.</li> <li>-Il s'agit d'un marqueur codominant.</li> <li>-Aucune information sur la séquence n'est requise.</li> <li>-Elle est utilisable pour faire des cartes génétiques de liaisons.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>-La RFLP nécessite une grande quantité d'ADN.</li> <li>-Elle n'est pas automatisable, vue les étapes de transfert et d'hybridation.</li> <li>-Certaines espèces possèdent un taux peu élevé de polymorphisme.</li> <li>-Un faible nombre de locus sont détectés par expérience.</li> </ul>
AFLP	<ul style="list-style-type: none"> <li>-L'AFLP permet un survol rapide de l'ensemble du polymorphisme du génome.</li> <li>-Elle est hautement reproductible.</li> <li>-Il n'y a pas besoin de connaître une séquence et de créer des sondes spécifiques.</li> <li>-Elle permet la création facile et rapide de cartes génétiques.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>-La génération d'une grande quantité d'information.</li> <li>-nécessite une analyse automatisée et la technologie informatique.</li> <li>-Ce sont des marqueurs dominants.</li> <li>-Les marqueur AFLP sont souvent localisés aux centromères et aux télomères.</li> </ul>
SSR	<ul style="list-style-type: none"> <li>-Les microsatellites sont des marqueurs codominant.</li> <li>-Ils sont très largement utilisés.</li> <li>-Ils y a une grande fréquence de SSR dans le génome.</li> <li>-Les microsatellites sont bien répartis à travers tout le génome.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>-La préparation des microsatellites est assez lourde car il faut « cribler une banque génomique enrichie avec une sonde du microsatellite, séquencer les clones positifs, synthétiser les amorces oligonucléotidiques et tester les paires d'amorces dans un échantillon d'individus ».</li> </ul>

al. 2001).

## II- La recherche *in silico*

### 1. Définition

La recherche *in silico*, ce vocable indique le début et l'ampleur d'un phénomène en biologie moléculaire : les recherches ne sont plus seulement *in vivo* ou *in vitro*, mais ont un recours de plus en plus essentiel aux analyses informatiques. Il souligne ainsi l'importance des technologies de l'information et de la communication (TIC) dans le développement de cette discipline et en désigne surtout deux champs spécifiques : la génomique et la bio-informatique. Nous présentons ici un modèle explicatif du cycle de l'information scientifique et technique (IST). Nous avons appréhendé l'appropriation de l'information numérique par les chercheurs à l'aide d'un modèle heuristique construit sur le cycle de vie du document (acquisition, recherche, archivage...) et de transformation de l'information (informations / documents / connaissances)<sup>3</sup> intitulé cycle de l'information scientifique et technique (Gabriel. 2002) (Figure 12).



L'activité informationnelle des chercheurs est circonscrite par ce modèle. La collecte peut être réalisée à partir de banques de données, de sites web, d'expériences dans les laboratoires, de "butinage" (*browsing*) dans les rayonnages d'une bibliothèque... Le traitement correspond à l'activité cognitive des chercheurs ou à des manipulations par des outils informatiques. La diffusion est définie comme l'ensemble des opérations nécessaires à la propagation des connaissances. La transformation de l'information s'inscrit dans ce processus où la connaissance est la formation des idées, l'information est la mise en forme des connaissances (in-formation) et l'information inscrite sur un support constitue un document (Gabriel. 2002).

## 2. De la biologie moléculaire à la génomique à la bio-Informatique

### 2.1. La Biologie moléculaire

La biologie moléculaire occupe une place dominante dans les sciences biologiques. Cette “vision moléculaire” du vivant est née de la génétique et de la biochimie. On peut dater l’émergence de cette nouvelle discipline scientifique avec la mise en évidence de l’ADN comme vecteur de l’hérédité par O.T. Avery et C.M. McLeod (1944), puis la découverte de sa structure (double hélice) par J.D. Watson et F.H.C. Crick (1953). Il existe plusieurs définitions de la biologie moléculaire, de la plus large à la plus restrictive. On pourrait parler de biologie moléculaire au sens littéral, dès lors qu’une activité de recherche en biologie aborde le niveau moléculaire dans son champ d’investigations. A l’opposé, cette discipline s’est structurée et définie autour de l’étude de l’expression de l’information génétique et de ses régulations, ce qui aurait tendance à la faire apparaître comme un domaine de la génétique. Entre les deux, elle est décrite comme l’étude des macromolécules biologiques : les acides nucléiques, dont l’ADN, support des gènes et de l’information génétique, et les protéines, produits de ces gènes et “ingénieurs” de la cellule biologique (Gabriel. 2002).

### 2.2. La génomique

L’impulsion du programme de séquençage complet du génome humain (le HGP), puis de celui d’autres génomes, et enfin la généralisation et l’évolution concomitante des séquenceurs, ont fait croître de manière exponentielle la production des séquences d’ADN. Cette recherche d’exhaustivité, liée au fait que toute l’information génétique nécessaire à un organisme est contenue dans son ADN, a propulsé la biologie moléculaire dans l’ère de la génomique. Pour faciliter l’accès et le traitement des séquences biologiques, il y a eu nécessité de les enregistrer dans les banques, désormais en ligne sur Internet. Le terme “génomique”<sup>12</sup> émerge de débats relatifs aux différents colloques organisés entre 1984 et 1987. Le HGP aura un effet mobilisateur, tant sur le plan des techniques, que sur l’impulsion de projets de séquençage d’autres génomes. Du fait de la taille réduite de leurs chromosomes, les microbes sont les premiers organismes vivants et autonomes qui ont fait l’objet d’une lecture complète de leur information génétique (Gabriel. 2002).

Le premier résultat général et inattendu était l’importance de la part des gènes de fonction inconnue détectés par cette approche exhaustive, élément qui n’avait pas été mis en évidence auparavant par les méthodes classiques de la génétique<sup>13</sup>. Cette observation est à



l'origine d'une deuxième génération de programmes de génomique, visant à élucider, de la manière la plus systématique possible, la fonction de ces "nouveaux gènes". Elle a également contribué à entériner au sein de la communauté le concept de "génomique fonctionnelle"<sup>14</sup>, qui regroupe les approches biochimiques et physiologiques adaptées à des analyses d'un génome entier et complétant les informations apportées par les séquences d'ADN. Ainsi sont mis en place de nouveaux moyens de production de grandes quantités d'informations, sur le même mode que le séquençage, qui devront être croisées pour prédire les fonctions des gènes (Gabriel. 2002).

### 2.3. La Bio-Informatique

Les efforts ont d'abord porté sur l'analyse des séquences et des structures, par des approches algorithmiques et mathématiques. C'est une fois de plus avec la possibilité de lire le texte de l'ADN que cette activité a pris de l'ampleur, et que ses outils se sont généralisés chez les biologistes. En même temps, l'organisation et la gestion de l'information, à savoir les données factuelles sur les objets biologiques, devenaient une nécessité. Encore à la marge de cette nouvelle discipline, et relevant des sciences de l'information, les données non factuelles, par exemple le texte des articles scientifiques, commencent à être exploitées (avec l'informatique) pour enrichir les connaissances en génomique.

La bio-informatique peut être assimilée au passage de l'imprimé à l'électronique. D'une simple lecture de représentations de séquences nucléotidiques (quelques lignes de A.T.G.C., la représentation des nucléotides : Adénine, Thymine, Cytosine et Guanine) en sélectionnant ou en feuilletant des revues disponibles dans leur centre de documentation, les biologistes peuvent désormais, pour des données factuelles plus conséquentes, faire une recherche sélective et exhaustive, puis les collecter *via* Internet, les manipuler *in silico* et en proposer une représentation graphique sur écran (Gabriel. 2002).

La bio-informatique est la résultante de la nécessité de traiter l'information génomique et d'une forte appropriation des technologies informatiques par des chercheurs. De développements ponctuels, isolés et réalisés par des chercheurs en génomique ayant de bonnes compétences en informatique, la bio-informatique "s'institutionnalise". Des formations universitaires apparaissent avec le label "bio-informatique", des équipes regroupant des informaticiens, des mathématiciens et des biologistes se forment et des chercheurs en science de l'information apparaissent dans ces équipes. Du traitement d'un petit ensemble de données factuelles, la bio-informatique a désormais pour tâche de rassembler

l'ensemble de l'information d'un domaine, d'un champ spécifique. Cela engendre deux conséquences :

- ✓ Les développements informatiques sont d'une plus grande ampleur, ils convoquent et combinent différentes techniques.
- ✓ Les informations traitées ne sont plus uniquement des données expérimentales, mais aussi des données "textuelles" (non factuelles) issues de la littérature scientifique.

### **3. L'information scientifique en génomique**

Trois types de documents sont à considérer : les données factuelles, les données textuelles et des informations "communautaires". Cette distinction est usuelle, mais révèle, en trois points, l'activité du chercheur. Schématiquement, les données factuelles représentent la partie expérimentation de son activité, les données textuelles sont le contexte cognitif et les informations communautaires constituent le liant de la vie scientifique.

#### **3.1. Les Données factuelles**

Elles sont issues de la paillasse ou des banques de séquences internationales. Ces banques, comme Genbank, EMBL ou DDBJ17 pour les séquences d'ADN, donnent accès par FTP à leurs gisements de documents primaires, qui sont des fichiers informatiques de texte codé en ASCII (American Standard Code for Information Interchange). Ces fichiers sont dits "à plat" (flat file), c'est-à-dire des fichiers bruts fournis sans outil d'organisation. Néanmoins, ils possèdent une nomenclature de description et constituent ainsi les enregistrements, les notices des banques. Chaque enregistrement (Figure 13) est organisé en champs, pour lesquels des descripteurs spécifient une information relative aux propriétés d'un objet biologique. Si chaque banque possède ses descripteurs, ou ses étiquettes, pour coder l'information suivant un format qui lui est propre, le contenu informationnel intrinsèque de l'objet biologique reste inchangé (Gabriel. 2002).

<b>GenBank (116.0, 03/10/2000)</b>	
Accession: L09228	
GenBank (NCBI, Bethesda, Md. USA)	
LOCUS	BACDIA 28206 bp DNA BCT 26-MAY-1995
DEFINITION	Bacillus subtilis spoVA to serA region.
ACCESSION	L09228
NID	g410114
VERSION	L09228.1 GI:410114
KEYWORDS	3-dehydroquininate dehydratase; aroC gene; diaminopimelate decarboxylase; lysA gene; penicillin-binding protein; peptidyl-prolyl isomerase; phosphoglycerate dehydrogenase; ppiB gene; response regulator; response regulator kinase; ribA gene; ribB gene; ribD gene; ribG gene; ribH gene; ribI gene; riboflavin biosynthesis operon; serA gene; signal peptidase; sipS gene; spoA gene; spoVAF gene.
SOURCE	Bacillus subtilis (strain 168, sub_species Marburg) DNA.
ORGANISM	Bacillus subtilis Bacteria; Firmicutes; Bacillus/Clostridium group; Bacillus/Staphylococcus group; Bacillus.
-----	
REFERENCE	3 (bases 1 to 28206)
AUTHORS	Sorokin,A., Zumstein,E., Azevedo,V., Ehrlich,S.D. and Serror,P.
TITLE	The organization of the Bacillus subtilis 168 chromosome region between the spoVA and serA genetic loci, based on sequence data
JOURNAL	Mol. Microbiol. 10 (2), 385-395 (1993)
MEDLINE	95020538
FEATURES	Location/Qualifiers
source	1..28206 /organism="Bacillus subtilis" /strain="168"
gene	/sub_species="Marburg" /db_xref="taxon:1423" 1..1239 /gene="spoVAF"
CDS	<1..1239 /gene="spoVAF" /codon_start=1 /transl_table=11 /protein_id="AAA67472.1" /db_xref="PID:g410115" /db_xref="GI:410115" /translation="VDIVENRLINAQVEKVKILDEITDQVLSGLVAVIVEGAGFAFII DVRSYPGRNPEEPDTEKVVVRGARDGFVENIVVNTALLRRRIRDERLRVMTKVGERSK TDLSICYIEDIADPDLVEIIVEKEIASIDVDGLTMADKTVEEFIVNQSYNPFPLVRYTE RPDVAANHVLEGHVLIIVDTSPSVIITPTTLFHHVQHAEEYRQAPSVGTFLRWVRFEG ILASTLFLPINFLFVLPDILLPDNMKFIGLNKDTHTPIILQIFLADLGIETLRMAAIIH TPTALSTAMGLIAAVLIGQIAIEVGLFSPEVILVSLAAIGTFTTTPSYELSLATNEPS CPHDTRCFISYKRARHRLYSANYAMASIKSLQTPYLWPLIPFNGKALWQVLVVRTAKPG AKVRPSIVHPKNRLRQPTNS"
conflict	1158..1164 /gene="spoVAF" /citation=[1]
-----	
BASE COUNT	8529 a 5565 c 6530 g 7582 t
ORIGIN	1 gtcgacatcg tcgaaaacag gtcgcttaac gcccaggctcg aaaaagtaaa aacottggat 61 gaaaccaccg accaagtgtc gtcgggctc gtcgctgtca ttgttgaagg tgcaggcttc 121 gcatttataa ttgatgtcag aagctatccg ggcagaaacc cggaagaacc tgatacggaa

### 3.2. Les Données textuelles

Elles sont représentées par la littérature scientifique au sens large du terme. Dans cet ensemble on trouve les articles des revues, les ouvrages scientifiques, les actes de colloques...

Mais aussi les notices catalographiques des banques de données bibliographiques comme Medline (Gabriel. 2002).

### 3.3. Les bases de données bibliographiques :

Les bases de données bibliographiques sont les bases de données qui servent aux recherches documentaires des chercheurs. Il s'agit de bases de données textuelles, c'est à dire qu'elles contiennent essentiellement du texte. Elles fournissent des notices bibliographiques, qui sont des sortes de fiches signalétiques propre à un document. Ces notices donnent souvent le résumé de la publication.

On oppose bases de données bibliographiques et base de données factuelles. Les bases de données factuelles sont soit des encyclopédies électroniques soit des bases de données de résultats d'expériences. Les informations contenues dans les bases de données factuelles sont codées dans un langage symbolique ou numérique, tandis que les informations contenues dans les bases de données bibliographiques sont écrites en langage naturel (Gabriel. 2002).

**Tableaux 07 : les types de l'information et des bases de données (Gabriel. 2002)**

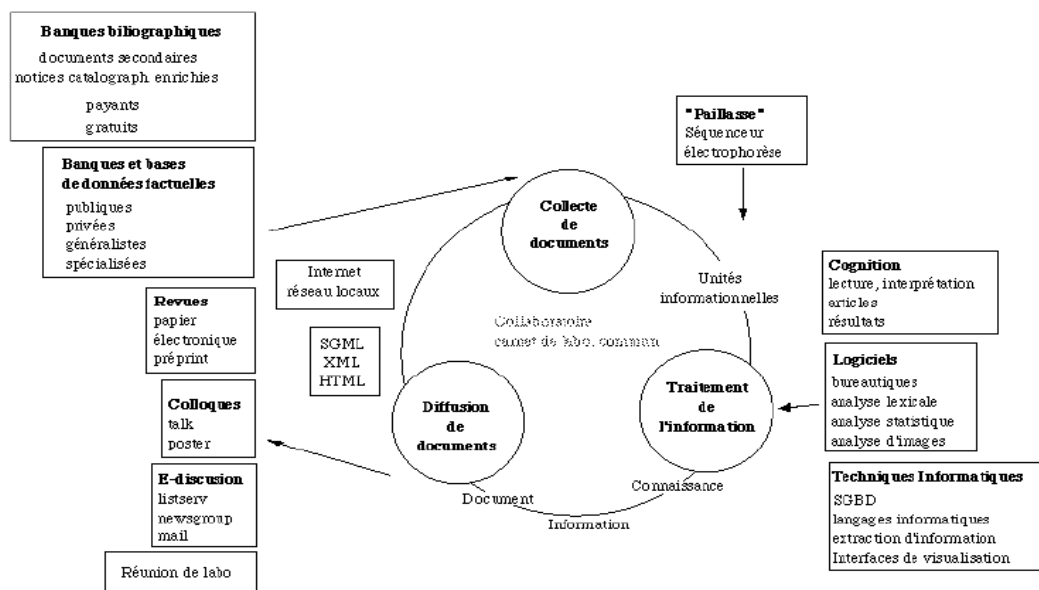
<b>Information primaire</b>	➤ <b>Les bases de données en texte intégral ou plein texte</b>	Ex : articles du quotidien Le Monde, dépêches de l'AFP
	➤ <b>Les bases de données factuelles ou numériques</b>	Elles donnent des chiffres (statistiques, économie).  Ex : les bases de données sur les motifs nucléiques ( <i>IMD Information Matrix Database</i> ) ou les motifs protéiques ( <i>PDB Protein Data Bank</i> ).
	➤ <b>Les bases de données d'images</b>	Les agences de presse ont développé leur base de données.
<b>Information secondaire</b>	➤ <b>Les bases de données bibliographiques</b>	Elles contiennent des notices (ou des références) d'articles, thèses, congrès, chapitres de livre. Ces notices bibliographiques sont souvent complétées par un résumé et des mots-clés (ou descripteurs).  <b>Les bases de données présentées dans ces pages relèvent de cette catégorie: elles permettent l'établissement de bibliographies et signalent les dernières publications.</b>  Ex : les Current Contents (toutes disciplines), Medline (en médecine), PsycINFO (en psychologie)...

### 3.4. Les Informations communautaires

Elles sont représentées par l'ensemble des documents issus des listes de discussion (mailing List), forums (news groups), sites et portails web d'une communauté scientifique (au sens large ou restreint). Leurs contenus sont de nature très différente : des informations circonstanciées (call for papers, annonces de colloques, ...), des informations de type savoir-faire ("dépannage" technique, utilisation de tel ou tel produit, etc.), groupe de travail (sur une norme, un projet, etc.) ... D'autres éléments peuvent contribuer à affiner cette typologie, notamment la distinction document primaire, secondaire et tertiaire ou encore information gratuite et payante. Par définition, les articles et ouvrages scientifiques constituent les documents primaires d'une discipline, en génomique il faut aussi intégrer dans cet ensemble les documents des banques de données factuelles puisqu'ils sont la représentation, la description première d'un objet biologique (Gabriel. 2002).

Les données bibliographiques issues des banques bibliographiques ou celles contenues dans les documents primaires des banques sont des documents secondaires qui font référence aux articles scientifiques. Enfin, les documents générés à partir des systèmes d'information qui intègrent les documents primaires et secondaires des banques peuvent être considérés comme des documents tertiaires, ils réalisent une synthèse de ressources.

En génomique, les données factuelles sont généralement numérisées sous forme de notices dans des banques accessibles gratuitement par internet. Les documents secondaires sont eux aussi principalement sous forme électronique et gratuite : les références bibliographiques sont disponibles à partir de banques bibliographiques comme Medline (PubMed) accessibles gratuitement par le web. Seuls, les articles publiés dans les revues relèvent encore d'une économie marchande avec toutefois des pressions actuelles d'ouverture perçues notamment par le développement d'archives ouvertes donnant accès aux numéros anciens de ces revues (Gabriel. 2002).



La partie gauche du schéma représente les sources et les entrepôts qui alimentent ou sont alimentés par le processus informationnel scientifique représenté par la collecte, le traitement et la diffusion de l'information scientifique et technique essentiellement médiatisés par des réseaux et des formats de données standardisés très utilisés. Les données issues de la paillasse sont volontairement distinguées de cette dernière partie pour signifier leur statut primaire et endogène aux laboratoires. La partie droite du schéma présente les dispositifs de traitement de l'information en distinguant ce qui relève du seul acte intellectuel du chercheur, puis des logiciels et des techniques qui l'aident dans cette action.

### 3.5. Intérêts des bases de données bibliographiques

Le développement d'Internet, de la capacité de stockage des supports informatiques, des algorithmes de compression et de la vitesse des réseaux rapprochent les différents types de bases de données. Les bases de données bibliographiques proposent de plus en plus fréquemment des liens entre la notice et l'article en texte intégral.

Ainsi le vieux rêve de tout chercheur se réalise : pouvoir depuis son bureau : interroger les bases de données et accéder "dans la foulée" aux documents.

Ces bases de données bibliographiques :

- Leurs entités permettent de repérer les dernières publications dans les revues scientifiques reconnues.
- Elles permettent d'établir des bibliographies (listes d'articles pertinents) sur un sujet ou un auteur.
- De plus en plus, elles sont des portails d'accès aux documents en texte intégral disponibles sur Internet.
- Les bases de données bibliographiques permettent de rechercher des références de documents, de les sélectionner, de les imprimer ou de les exporter vers un autre logiciel. Elles peuvent aussi proposer de passer commande des documents ou donner accès au texte intégral. Les supports de diffusion des bases de données bibliographiques sont : le papier, le cédérom, Internet.

Les services offerts par ces bases :

- Générer une liste d'articles sur un sujet ou un auteur ou une institution
- Délimiter la recherche par date, par type de document ou encore par langue
- Rechercher tous les articles publiés dans un fascicule de revue
- Identifier une référence dont on ne possède pas tous les éléments pour la localiser (par exemple le titre de la revue dont est extrait l'article recherché)
- Repérer régulièrement les nouvelles publications sur un sujet donné ou les sommaires des revues, c'est-à-dire faire de la veille documentaire (ou Diffusion Sélective de l'Information) en recevant automatiquement dans sa boîte aux lettres électronique les références des articles dès leur parution, voire avant même leur impression.

Les bases de données bibliographiques sont des outils indispensables à tout travail de recherche et à toutes les étapes du parcours étudiant et professionnel. L'étendue des domaines traités, la diversité des sources, la convivialité des interfaces d'interrogation en font des instruments de travail souples et adaptables aux besoins et exigences de chacun.

## I- Méthode de Travail

Par une recherche *in silico*, de type documentaire, on vise à constituer un mini recueil de différents types de marqueurs moléculaires (RAPD/ISSR/SSR/AFLP/RFLP) liés aux stress abiotiques qui menacent les cultures de blé et affectent leurs performances.

Ces marqueurs qui sont des outils rapides et important pour évaluer la diversité génétique chez les cultivars, et identifier des nouvelles sources de tolérance pour les appliquées dans les programmes de sélection et culture de blé ; pour obtenir par la suite des cultures améliorées et qui répond le mieux aux défis abiotiques posé par un climat changeant. Ils permettent ainsi aux sélectionneurs de choisir ; après plusieurs évaluations de divers cultivars ; les meilleures variétés tolérantes à ces stress ; et obtenir les meilleurs hybrides avec des caractères améliorés spécialement afin de couvrir la consommation accrue dans le monde entier.

La première étape de ce travail consistait à faire une large étude bibliographique afin de faire le bilan des travaux réalisés sur des cultivars de blé d'origines diverses en se basant sur les outils de marquage moléculaire, et spécifiquement les marqueurs liés aux stress abiotiques chez cette céréale. Cette recherche *in silico* était de type dit documentaire car les résultats de l'interrogation des bases de données NCBI / PubMed n'étaient pas données factuelles mais plutôt des données textuelles, stockés dans ces bases.

La seconde étape été la sélection sur la base de la pertinence ; les dates de publication de ces travaux (choisir les articles les plus récents), la qualité des résultats et conclusions tirés. Cette étape était suivie par l'analyse de l'ensemble ces articles. Cela permet non seulement de réduire le nombre d'articles à étudier mais aussi d'en avoir une synthèse.

La dernière étape, était de faire une synthèse exhaustive à partir des articles de travaux de recherche sélectionnés ; on a choisi qu'elle soit représentée sous forme de tableaux récapitulatifs de chaque étude ; établis par ordre chronologique où on trouve mentionné sur chaque tableau :

- Le Type de stress étudié.
- L'espèce.



- L'origine des cultivars utilisés.
- Le type de marqueur ainsi que son amorce.
- La référence bibliographique.

Ensuite chaque tableau s'en suit d'une discussion, analyses des résultats et une conclusion de la même étude.

L'ensemble de ces tableaux élaborés sera regroupé à la fin en un seul tableau exhaustif en annexes, ce dernier qui nous constitue un mini recueil des marqueurs moléculaires de différents types et d'une large diversité des cultivars de blé utilisés.

## II- Résultats & Discussion

### Etude 1 : Identification des marqueurs RAPD et ISSR associés à la sénescence de la feuille drapeau sous conditions de stress hydrique chez le blé (*Triticum aestivum* L)

Type de stress	Espèce	Cultivars	Origine	Type de marqueur	Nom du marqueur	Amorce	Référence	Année d'étude
Hydrique	<u><i>Triticum aestivum</i> L</u>	Cultivars sensibles :  "Variant1" Dérivée de  "Sakha"	Egypte	RAPD	Pr112	5' CAATCGCCGT 3'	(Sana Ibrahim Milad, Lydia Elias Wahba, & Mohamed Najeb Barakat, 2011).; <i>AJCS</i>	2011
					Pr192	5' CAAACGTCGG 3'		
					OPU06	5' ACCTTTGCGG 3'		
					OPH13	5' GACGCCACAC 3'		
		Cultivars tolérants :  "Veery"		ISSR	M11	5'(AC) 8CG3'		
					AD2	5'(AGC) 6G3'		

### Discussion de l'étude 1

Cette étude a été conçue pour identifier les marqueurs moléculaires liés au gène de la sénescence des feuilles de blé sous conditions de stress hydrique comme indicateur de la tolérance à la sécheresse (Sana Ibrahim Milad et al. 2011).

Les génotypes de blé utilisés dans cette étude : sensible *Variant-1* et tolérant *Veery* ;

- Le **variant-1** a été dérivée du cultivar *Sakha 69*.
- Les cultivars de blé *Veery* sont très tolérants à la sécheresse.

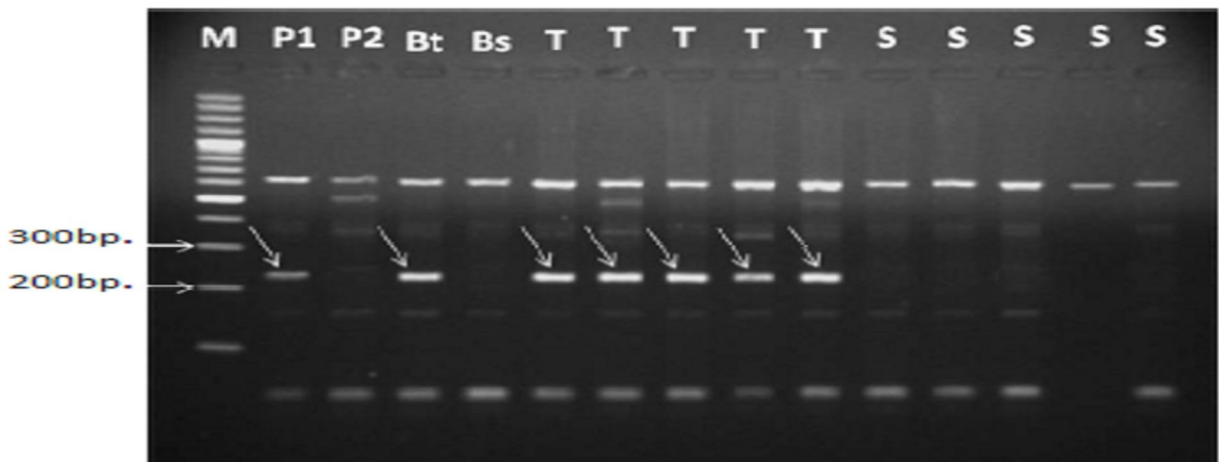
### Analyses RAPD

Sur 38 amorces arbitraires examinées pour les polymorphismes entre *Veery&Variant1*, 24 amorces RAPD, avec des bandes polymorphes plus élevées étaient aptes à différencier entre les deux parents (Sana Ibrahim Milad et al. 2011) :

- Sur ces 24 amorces RAPD, **Pr11** Amorce (5 'CAATCGCCGT 3') a produit une forte bande polymorphe à 230pb, qui était présente uniquement dans le parent tolérant *Veery*, comme le montre la (Figure 15).
- En outre le Primer **Pr19** (5'CAAACGTCGG 3'), a produit une forte Bande polymorphe à 240pb qui n'était présente que dans l'ADN sensible, mais pas dans l'ADN tolérant.
- Primer **OPU06** (5 'ACCTTGGGG 3'), a produit une forte bande polymorphe à 340pb qui n'était présente que dans l'ADN Bulk sensible, mais pas dans l'ADN Bulk tolérant.
- En outre, l'amorce **OPH13** (5 'GACGCCACAC 3') a produit une bande polymorphe forte à 450pb qui n'était présente que dans l'ADN sensible, mais pas dans l'ADN tolérant.

Ces marqueurs RAPD (**Pr11**<sub>230pb</sub>, **Pr19**<sub>240pb</sub>, **OPU06**<sub>340pb</sub> et **OPH13**<sub>450bp</sub>) ont été considérés comme marqueurs candidats, liés au gène de sénescence des feuilles de drapeau et comme indicateur de la tolérance à la sécheresse.

Ces marqueurs polymorphes; **Pr11**<sub>230pb</sub>, **Pr19**<sub>240pb</sub>, **OPU06**<sub>340bp</sub> et **OPH13**<sub>450bp</sub>, ont également été utilisés pour vérifier leur Liaison au gène de sénescence de la feuille de



**Figure 15 : Profil RAPD, fragments produits par l'amorce Pr11 (5'CAATCGCCGT 3')**

M : Poids moléculaire suivi des parents P<sub>1</sub> et P<sub>2</sub> *Veery* et *Variant1* respectivement. Bt : Bulk tolérant; Bs : Bulk sensible, F2 individus du croisement (T : Tolérant x S : sensible)

Les flèches pointées vers les bandes polymorphes indiquent le marqueur Pr11230pb.

(Sana Ibrahim Milad et al. 2011)

drapeau, en utilisant une ségrégation F<sub>2</sub>, dérivée du croisement entre le parent tolérant *Veery* et le parent sensible *Variant1* (Sana Ibrahim Milad et al. 2011).

### Analyse ISSR

Sur 33 amorces ISSR, un dépistage de polymorphismes entre les deux parents testés, treize amorces ISSR avec des bandes polymorphes supérieures ont été convenablement reconnues différencier les deux parents (Sana Ibrahim Milad et al. 2011).

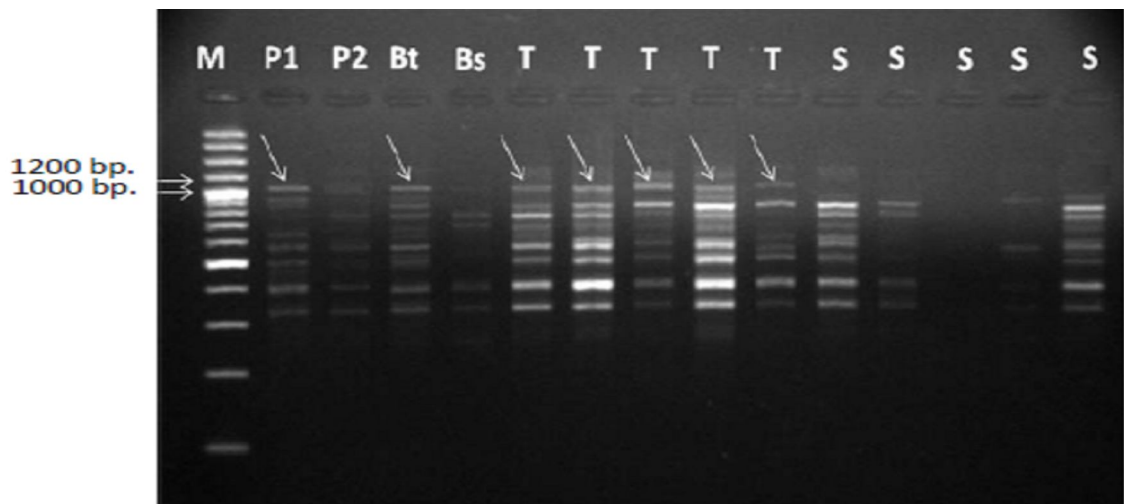
De ces treize 13 amorces ISSR, **M1** et **AD2** (5 '(AC) 8CG3' et 5 '(AGC) 6G3', Respectivement), qui ont produit deux bandes polymorphes fortes à 1100 et 300pb respectivement.

- L'amorce **M1** a produit une forte bande polymorphe à 1100pb, qui n'était présente que dans le parent tolérant *Veery*, comme le montre la (Figure 16). Et il a été sélectionné pour le criblage d'ADN parental. L'amorce **M1**, a généré un fragment

polymorphe à 1100bp, qui était présent uniquement en ADN tolérant *Veery* (Parent tolérant) et manquaient dans l'ADN sensible *Variant1* (Parent sensible), comme le montre la (Figure 16).

- En outre, l'amorce **AD2** a généré un fragment polymorphe à 300pb qui était présent uniquement dans le parent sensible (Variant1).

Ces marqueurs ISSR (**M1**<sub>1100pb</sub> Et **AD2**<sub>300pb</sub>) ont été considérés comme des marqueurs candidats liés au gène de sénescence des feuilles et comme indicateur de tolérance à la sécheresse dans le blé (Sana Ibrahim Milad et al. 2011).



**Figure 16 : Profil ISSR, produits par M1 (5 '(AC) 8CG 3')**

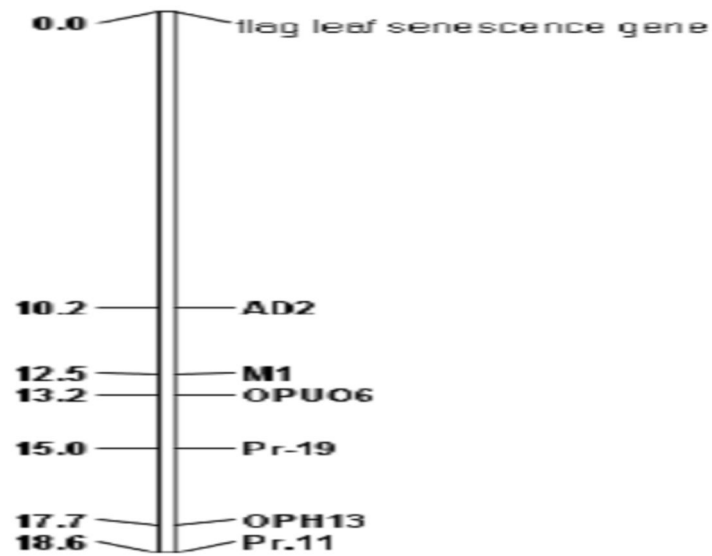
M : Poids moléculaire, suivi des parents P1 et P2 *Veery* and *Variant1* respectivement. Bt : Bulk tolérant. Bs : Bulk sensible, F 2 Individus du croisement (T : tolérants; S : sensibles).

Les flèches pointées aux bandes polymorphes indiquent le marqueur M1 1100bp.

(Sana Ibrahim Milad et al. 2011)

### L'analyse QTL

- La relation de liaison entre les marqueurs RAPD (**Pr11**<sub>230pb</sub>, **Pr19**<sub>240pb</sub>, **OPU06**<sub>340pb</sub>, **OPH13**<sub>450pb</sub>) et le gène de sénescence des feuilles comme indicateur de tolérance à la sécheresse était estimé, en utilisant la population F 2, dérivée du croisement (*Veery X Variant1*).
- La distance génétique entre les marqueurs RAPD (**Pr11**<sub>230pb</sub>, **Pr19**<sub>240pb</sub>, **OPU06**<sub>340pb</sub> et **OPH13**<sub>450pb</sub>) et le gène de sénescence des feuilles a été déterminé comme étant 15,6, 15,0, 13,2 et 17,4 CM (Figure 17).



- Par conséquent, ces marqueurs RAPD étaient liés aux loci des caractéristiques quantitatives (QTL) pour le gène de sénescence des feuilles et définis comme indicateur de la tolérance à la sécheresse (Sana Ibrahim Milad et al. 2011).

**Conclusion de l'étude 1**

La tolérance au stress hydrique dans le blé est un trait héréditaire quantitativement contrôlée par plusieurs loci génétiques que leurs composants sont difficiles à mesurer.

L'identification des marqueurs moléculaires associés à un locus majeur contribuant à la tolérance au stress hydrique serait utile pour la sélection indirecte de plantes de blé pour la tolérance au stress hydrique.

Cependant, l'identification des marqueurs moléculaires associés à des gènes ou des traits importants dans la plupart des cas nécessite un dépistage d'un nombre relativement élevé d'individus de la population (Sana Ibrahim Milad et al. 2011).

**Etude 2 : Identification des marqueurs moléculaires ISSR et RAPD de la tolérance à la sécheresse chez le blé *Triticum aestivum* L)**

Type de stress	Espèce	Cultivars	Origine	Type de marqueur	Nom du marqueur	Amorce	Référence	Année d'étude
Sécheresse	<i>Triticum aestivum L</i>	Cultivars sensibles: GW273 (S1) GW322 (S2) HI1077 (S3) GW190 (S4) DL803-3(S5)	Inde et plusieurs régions	ISSR	UBC812 <sub>700pb</sub>	(5'GAGAGGAGAGAGAGAA3')	(Reena Deshmukh, Nawab Singh Tomar, Niraj Tripathi, & Sharad Tiwari, 2012); <i>PMBP</i> .	2012
					UBC834 <sub>1700pb</sub>	(5'AGAGAGAGAGAGAGAGAGYT 3' Y = C / T)		
					UBC881 <sub>1500pb</sub>	(5 'GGGTGGGGTGGGGTG 3')		
		RAPD		OPO-5 <sub>2400pb</sub>	(5 'CCCAGTCACT 3')			
		Cultivars tolérants : JW17 (T1) MP3020(T2) MP3173(T3) HI1500 (T4) HI1531 (T5) HW2004(T6) Sujata (T7)						

## Discussion de l'étude 2

Au cours de la présente enquête, les marqueurs RAPD et ISSR ont été utilisés pour établir une empreinte digitale de 12 cultivars de blé cultivés en Inde, en particulier pour analyser les variations de ces cultivars pour la tolérance à la sécheresse.

Étant donné que la tolérance à la sécheresse est apportée par plusieurs régions du génome; cela nécessite une identification qui peut être réalisée par l'utilisation de marqueurs d'ADN car ils offrent un moyen plus rapide d'identifier les régions liées à cette tolérance (ReenaDeshmukh et al. 2012).

### Analyse RAPD

- Sur les 14 amorces RAPD, une seule amorce **OPO05** (5 'CCCAGTCACT 3') a été jugée polymorphe sur les cultivars sensibles et tolérants à la sécheresse. Cette

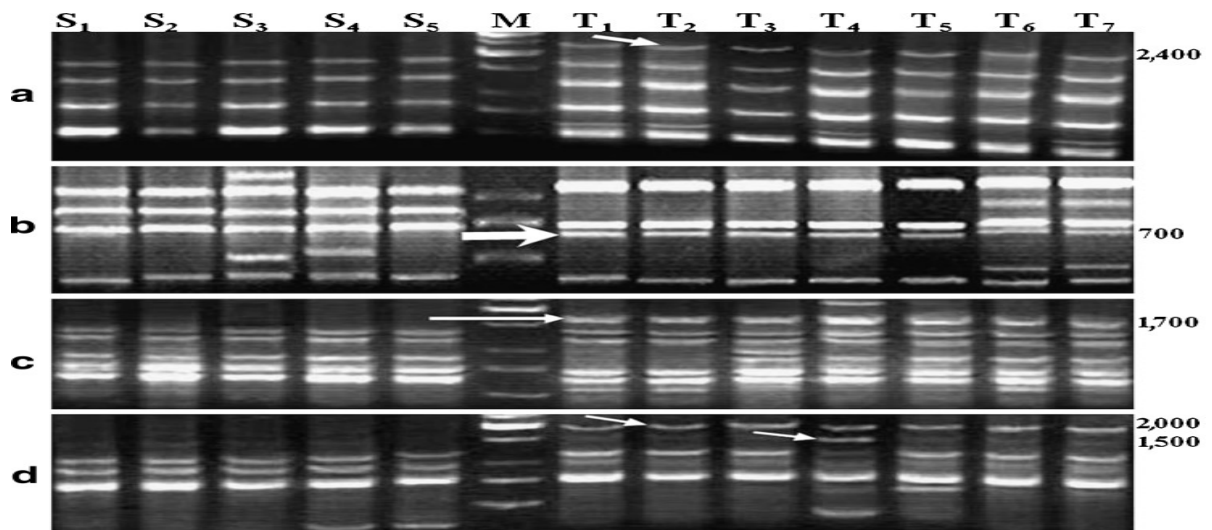
Cultivars	Code
GW273	Sensible (S 1)
GW322	Sensible (S 2)
HI1077	Sensible (S 3)
GW190	Sensible (S 4)
DL803-3	Sensible (S 5)
JW17	Tolérant (T 1)
MP3020	Tolérant (T 2)
MP3173	Tolérant (T 3)
HI1500	Tolérant (T 4)
HI1531	Tolérant (T 5)
HW2004	Tolérant (T 6)
Sujata	Tolérant (T 7)



amorce a amplifié un allèle spécifique de 2 400pb dans tous les cultivars tolérants, et totalement absent chez les cultivars sensibles. Une complexité supplémentaire par rapport aux autres cultivars tolérants à la sécheresse, Les loci polymorphes qui ont été développés par l'intermédiaire de l'amorce **OPO05** se limitaient uniquement aux cultivars tolérants à la sécheresse, ce qui indique que cette amorce pourrait être utilisée comme marqueur putatif pour le criblage de cultivars tolérants à la sécheresse.

Les résultats suggèrent également que la technique RAPD présente un grand potentiel pour trouver un polymorphisme à base d'ADN entre les génotypes des mêmes espèces. Ces bandes polymorphes identifiées peuvent être considérées comme des marqueurs potentiels pour identifier les cultivars tolérants à la sécheresse pour la sélection assistée par marqueurs (MAS) dans les programmes d'élevage du blé (ReenaDeshmukh et al. 2012).

### Analyse ISSR



**Figure 18 : Profil des bandes électrophorétiques amplifiés par (a) l'amorce RAPD OPO-05, (b) l'amorce ISSR UBC 812, (c) l'UBC 834 et (d) la piste UBC 881**  
M-1 Kb l'échelle d'ADN, les variantes sensibles S 1 -S 5, T 1 -T 7 variétés tolérantes.

(Reena Deshmukh et al. 2012)

Dans l'étude actuelle, sur 90 amorces ISSR, seules trois amorces ont développé un polymorphisme précis qui distingue les cultivars tolérants et sensibles. La taille des bandes

d'ADN amplifiées variait entre 250 et 1500pb pour les amorces **UBC812** et **UBC834** tandis que pour l'amorce **UBC881**, elle variait entre 250 et 2 000pb (ReenaDeshmukh et al. 2012)

- L'amorce **UBC812** (5'GAGAGGAGAGAGAGAA3') a développé une bande spécifique de 700pb dans tous les cultivars tolérants à la sécheresse (Figure 18). Une bande spécifique de 375pb était également située dans le cultivar '**GW273**'.

L'amplification de bandes spécifiques de taille similaire (400pb) dans '**HW2004**' et '**Sujata**' par l'amorce **UBC812** indique que ces deux dérivés partagent des séquences ancestrales similaires dans une partie de leur génome. En outre, l'amorce **UBC812** a amplifié deux allèles spécifiques (500pb et 1 350pb) dans '**HI1077**' et un allèle spécifique (540pb) dans le cultivars '**GW190**'.

- De même, l'amorce **UBC834** (5 'AGAGAGAGAGAGAGAGYT 3' ; Y = C / T) a amplifié les bandes polymorphes de 1 700pb uniquement dans les génotypes tolérants à la sécheresse, une bande spécifique de 2 500pb dans '**HI 1500**' avec une bande de 1 000pb dans la variété '**MP3173**'.
- D'autre part, l'amorce **UBC881** (5 'GGGTGGGGTGGGGTG 3') a amplifié des bandes de 1 500pb et 2.000pb uniquement dans tous les cultivars tolérants à la sécheresse (Figure 18) et des bandes spécifiques dans deux cultivars, l'une de 700pb en '**HI 1531**' et la seconde 450pb en '**HI 1500**' (Tableau 9) qui explique leur identité parmi tous les cultivars tolérants en cours d'analyse. L'amorce **UBC881** a également amplifié deux bandes spécifiques de 350pb chez les cultivars sensibles '**GW190**' et '**DL803**' (ReenaDeshmukh et al. 2012).

## **Conclusion de l'étude 2**

L'étude présente non seulement a révélé les moyens d'identification des marqueurs RAPD et ISSR associés aux loci tolérants à la sécheresse, mais ont également défini un polymorphisme entre les cultivars de blé sensibles et tolérants à la sécheresse. Les marqueurs RAPD et ISSR se sont néanmoins révélés être un moyen simple, rapide, simple et efficace d'identifier ces régions. L'identification de ces loci aiderait donc les éleveurs à introduire ces traits dans le blé (ReenaDeshmukh et al. 2012).

### Etude 3 :Evaluation des indices de la tolérance à la sécheresse et leurs relations avec les marqueurs ISSR chez le blé panifiable (*Triticum aestivum*

L)

Type de stress	Es pèce	Cultivars	Ori gine	Type de marq ueur	Nom du marq ueur	Amorce	Référence	Année d'étude
Sécheresse	<i>Triticum aestivum</i> L	Shiroodi (1)	Iran	ISSR	1	5 'AGAC AGACGC 3'	(Behnam Firoozi, Omid Sofalian, Majid Shokrpoo, Ali Raoulzadeh, & Fatemeh Ahmadpoor, 2012): <i>NSB</i> .	2012
		Aria (2)			2	5 'GACAGACAGACA GACA 3'		
		Darya (3)			3	5 'AGAGAGAGAGAGAGAGC3'		
		Dix (4)			4	5 'ACAGACAGCG 3'		
		Kiknejad (5)			5	5 'AACACAACGC 3'		
		Atila4 (6)			6	5 'GATAGATATG 3'		
		Akbari (7)			7	5'GAGAGAGAGAGAGAGAT 3 ' 3'		
		Dieux (8)			8	5 'GACGACGACGACG 3'		
		Sepehan (9)			9	5 'TCTCTCTCTCTCTCC 3'		
		Atila50 (10)			10	5 'CGTCGTCGTCGT 3'		
		Sistan (11)			11	5 'GTGGTGGTGGC 3'		
		Moghan (12)			12	5 'TTGTGTGTGTGTGTTGC 3'		
		Karaj3 (13)			13	5 'ACACACACACACACACYG 3'		
		Bahar (14)			14	5 'CACACACACACT 3'		
		Darab (15)			15	5 'ACGACGACGACGAAC 3'		
		Kavir (16)			16	5 'CACACACACACAAG 3'		
		MS18-14 (17)			17	5 'AGAGAGAGAGAGAGAGG 3'		
		Arta (18)			18	5 'CCACCACCACCACCA 3'		
		Verinak (19)			19	5 'AGAGAGAGAGAGAGAGT 3'		
		Azadi (20)			20	5 'AATAATAATDG 3'		
		Yavaroos (21)			21	5 'ACTCACTCGC 3'		
		Marvadasht (22)			22	5 'ATGATGATGATGATGATG 3'		
		Mahdarvi (23)			23	5 'GTGTGTGTGTGTGTGTGYG 3'		

Sécheresse	<i>Triticum aestivum L</i>	Charman (24)	Iran	ISSR	24	5 'GACAGACAGACAGACA 3'		2012
		Tabasi (25)			25	5 'ATCATCATCCG 3'		
		LineA (26)			26	5 'GATCGATCGATCGC 3'		
		Karkheh (27)			27	5 'CTTCACTTCACTTCA 3'		
		Karaj2 (28)			28	5 'GAGGAGGAGGC3'		
		Roshan (29)			29	5 'ACACACACACACACTT 3'		
		Sholeh (30)			30	5 'GAGAGAGAGAGAGAGAC 3'		
		Arvand (31)			31	5 'CACCACCACGC 3'		
		Chanab (32)			32	5 'AGAGAGAGAGAGAGAC 3'		
		Hirmand (33)			33	5 'AAGAAGAAGGC 3'		
		Alborz (34)			34	5 'CACACACACACACAG 3'		
		Falat (35)						
		Bordeaux (36)						
		Golestant (37)						
6 (38)								
Sorkhtokhm (3)								

Tableau 12 : Liste des noms des cultivars et de leur type de croissance (Behnam Firoozi et al. 2012)

NO.	Cultivar names	Growth type	NO.	Cultivar names	Growth type	NO.	Cultivar names	Growth type
1	'Shiroodi'	Spring Wheat	14	'Bahar'	Spring Wheat	27	'Karkheh'	Facultative Wheat
2	'Aria'	Spring Wheat	15	'Darab'	Facultative Wheat	28	'Karaj2'	Facultative Wheat
3	'Darya'	Winter Wheat	16	'Kavir'	Spring Wheat	29	'Roshan'	Facultative Wheat
4	'10'	Winter Wheat	17	'MS18-14'	Facultative Wheat	30	'Sholeh'	Facultative Wheat
5	'Kiknejad'	Spring Wheat	18	'Arta'	Facultative Wheat	31	'Arvand'	Spring Wheat
6	'Atila4'	Spring Wheat	19	'Verinak'	Facultative Wheat	32	'Chanab'	Facultative Wheat
7	'Akbari'	Spring Wheat	20	'Azadi'	Spring Wheat	33	'Hirmand'	Spring Wheat
8	'Gods'	Facultative Wheat	21	'Yavaroos'	Spring Wheat	34	'Alborz'	Spring Wheat
9	'Sepehan'	Winter Wheat	22	'Marvdasht'	Spring Wheat	35	'Falat'	Spring Wheat
10	'Atila50'	Spring Wheat	23	'Mahdavi'	Facultative Wheat	36	'Maroon'	Facultative Wheat
11	'Sistan'	Spring Wheat	24	'Chamran'	Spring Wheat	37	'Golestan'	Facultative Wheat
12	'Moghan1'	Facultative Wheat	25	'Tabasi'	Spring Wheat	38	'6'	Winter Wheat
13	'Karaj3'	Spring Wheat	26	'LineA'	Facultative Wheat	39	'Sorkhtokhm'	Winter Wheat

### Discussion de l'étude 3

Dans cette étude, ils ont utilisé 39 cultivars réputés de blé (*T. aestivum*) en fonction de leurs différences de rendement dans des conditions irriguées et non irriguées (Behnam Firoozi et al. 2012).

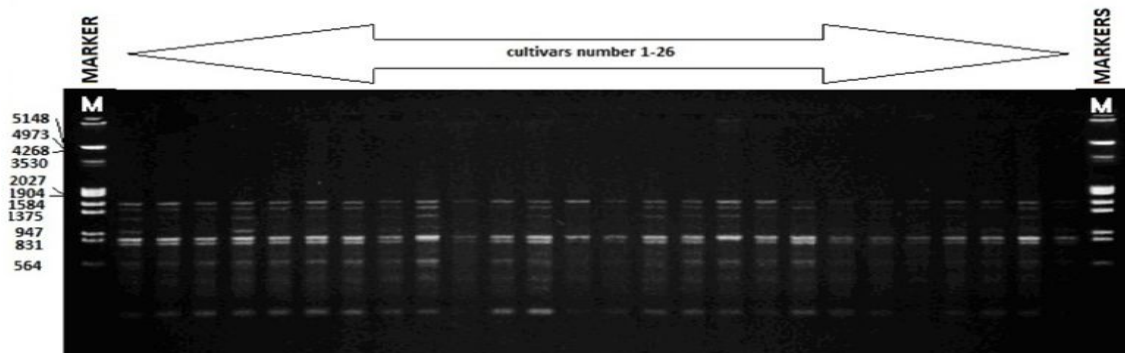


Figure 19 : Profil des bandes ISSR après amplification par PCR(Behnam Firoozi et al. 2012)

### Analyse ISSR

Au total, 34 amorces (fournies par Bioneer) ont été testées pour ISSR. Sur la base des profils de bandes amplifiés précis et des diagrammes polymorphes produits de l’empreinte génétique, ils ont sélectionné 19 amorces différentes (Behnam Firoozi et al. 2012).

Dans cette étude les indices de tolérance à la sécheresse ont été calculés sur la base du rendement céréalier des cultivars. L’analyse de la variance des indices a indiqué que les différences entre les cultivars étaient importantes pour les indices STI et SSI. L’indice SSI a été largement utilisé par d’autres chercheurs (Clarke et al., 1984, Fischer et Maurer, 1978, Winter et al., 1988). Les SSI semblent être des critères de sélection appropriés pour identifier les cultivars sensibles des autres. En 1/3 d’irrigation continue ‘*Verinak*’, ‘*Atila4*’, ‘*Atila 50*’, ‘*Chanab*’ ont été enregistrés avec la valeur la plus élevée de SSI et Identifiés comme cultivars sensibles alors que ‘*Chamran*’, ‘*Marvdasht*’, ‘*Bahar*’, ‘*Hirmand*’, avec un SSI inférieur et étaient résistants (Behnam Firoozi et al. 2012).

### Conclusion de l’étude 3

Cette étude a montré que les marqueurs moléculaires sont des outils importants et rapides pour évaluer la diversité génétique chez les cultivars. Les marqueurs ISSR par leur extension, revêtent une grande importance dans les recherches agricoles. Néanmoins, il est indispensable de suggérer que dans les programmes de sélection et culture de blé, d'autres données telles que les découvertes morphologiques et physiologiques ont également été utilisées en plus de ces résultats (Behnam Firoozi et al. 2012).

**Etude 4 : Détection de cultivars de blé (*Triticum aestivum*) avec des performances contrastées sous des contraintes abiotiques**

Type de stress	Espèce	Cultivars	Origine	Type de marqueur	Nom du marqueur	Amorce	Référence	Année d'étude
Sécheresse	<i>Triticum aestivum</i>	Cultivars sensibles : Sakha95 (e) Gimeza9 (f) Giza168 (g) Sahel 1 (h)	Egypte	ISSR	814	5' (CT)8TG 3'	(Al-Kordy, et al., 2013): LSJ	2013
					844A	5' (CT)8AC 3'		
					844B	5' (CT)8GC 3'		
					17898A	5' (CA)6AC 3'		
					17898B	5' (CA)6GT 3'		
		17899A			5' (CA)6AG 3'			
		17899B			5' (CA)6GG 3'			
		HB8			5' (GA)6GG 3'			
		HB9			5' (GT)6GG 3'			
		HB10			5' (GA)6CC 3'			
		HB11			5' (GT)6CC 3'			
		HB12			5' (CAC)3GC 3'			
		HB13			5' (GAG)3GC 3'			
		HB14			5' (CTC)3GC 3'			
		HB15			5' (GTG)3GC 3'			
		UCB-820			5' (GT)8C 3'			
		UCB-827			5' (AC)8G 3'			
		Des combinaisons			Marqueur1	5' CCA/ACT 3'		
					Marqueur 2	5' CAC/ACA 3'		
					Marqueur 3	5' CAG/AAC 3'		
				Marqueur 4	5' CTC/AAG 3'			
				Marqueur 5	5' CAA/ACC 3'			

#### Discussion de l'étude 4

La tolérance à la sécheresse est un trait complexe de grande importance. La présente étude vise à détecter des marqueurs moléculaires AFLP et ISSR dans huit cultivars de blé tendre "*T. aestivum*", on se basant sur leurs différentes performances sous des conditions de sécheresse. Le blé est l'une des céréales les plus importantes au monde. Par conséquent, l'identification des marqueurs moléculaires pour la tolérance à la sécheresse est cruciale pour le développement futur des programmes de sélection et culture (Al-Kordy et al. 2013).

Serial no.	Genotype name	Genotype
a	Misir 2	Tolerant
b	Gimeza 10	Tolerant
c	Sakha 93	Tolerant
d	Sakha 94	Tolerant
e	Sakha 95	Sensitive
f	Gimeza 9	Sensitive
g	Giza 168	Sensitive
h	Sahel 1	Sensitive

Figure 20 : Noms et performances des cultivars de Blé tendre testés (Al-Kordy et al. 2013)

### Analyse ISSR

Trente amorces ISSR ont été utilisées dans l'étude, mais seulement 17 ont réussi à générer des amplicons reproductibles et fiables pour différents génotypes. L'analyse ISSR avec les amorces **17899A** et **HB8** des huit cultivars de blé tendre (Al-Kordy et al. 2013).

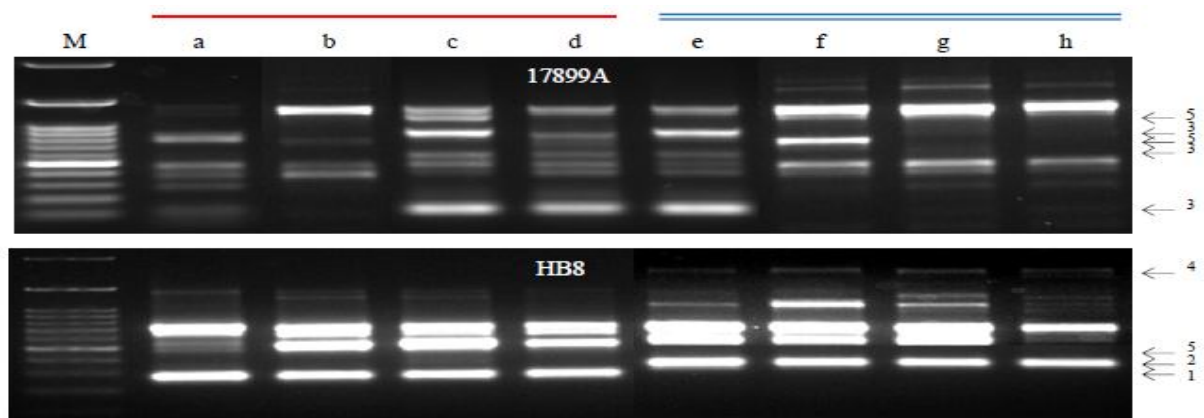


Figure 21 : Profil de l'analyse ISSR des 8 cultivars par les amorces 17899A et HB8 (Al-Kordy et al. 2013)



- L'amorce **17899A** a indiqué trois marqueurs pour les cultivars "*Sakha*" avec 140, 650 et 900bp et deux marqueurs spécifiques de cultivars pour "*Gemiza 9*" (à 800pb) et "*Sakha93*" à 1500pb.
- Le Primer **HB8** indique un Positif (à 280pb) et un marqueur négatif (à 320pb) pour la tolérance à la sécheresse, un marqueur pour les cultivars de "*Gemiza*" (à 2500bp) et un marqueur spécifique de cultivar (à 480pb) pour "*Misr2*".
- La seule ligne rouge représente des cultivars tolérants à la sécheresse, tandis que la ligne bleue double Représente des cultivars sensibles à la sécheresse. Les chiffres 1-5 réfèrent à différents marqueurs (Al-Kordy et al. 2013).

### Analyse AFLP

L'analyse AFLP a été effectuée en utilisant le Système d'analyse AFLP I (Invitrogen, cat. No.10544013) selon le protocole fabricant. Cinq d'entre eux ont réussi à récupérer les modèles polymorphes de bonne qualité (Al-Kordy et al. 2013).

### Conclusion de l'étude 4

On peut conclure que les marqueurs diffèrent en leur capacité à différencier les individus, par leur mécanisme de détection du polymorphisme, leur couverture de tout le génome et leur facilité d'application. Ils peuvent être Complémentaires, comme cela se manifeste dans la présente étude, selon la disponibilité technique. Certains de ces marqueurs peuvent être liés à la tolérance de sécheresse, par conséquent, ils peuvent être utilisés pour détecter la possibilité de relation d'apparenté génétique entre les cultivars (Al-Kordy et al. 2013).

## Etude 5 : L'association traits-marqueurs ISSR et analyse de la stabilité chez des variétés de blé tendre

Type de stress	Espèce	Cultivars	Origine	Type de marqueur	Nom du marqueur	Amorce	Référence	Année d'étude
Sécheresse	<i>Triticum aestivum</i> L.	<i>Debeira</i>	Egypte	ISSR	UBC-811	5' (GA)8AC 3'	(Motawea, Said, & Khaled, 2015) <i>P.B.B.</i>	2015
		<i>Sakha-8</i>			UBC-812	5'(GA)2GG(AG)4AA 3'		
		<i>Sakha-69</i>			UBC-815	5'(TC)8A 3'		
		<i>Sakha-92</i>	Soudan		UBC-833	5' (GA)8TT 3'		
		<i>Sakha-93</i>			UBC-834	5' (AG)8YT 3'		
		<i>Sahel-1</i>	Mexique		UBC-840	5' (CT)8TT 3'		
		<i>Sonora-64</i>			UBC-849	5' (GT)8YA 3'		
		<i>Giza-160</i>	Canada		UBC-880	5' (TC)8AA 3'		
		<i>Giza-164</i>						
<i>Giza-165</i>								
<i>Giza-168</i>								
<i>Sids-1</i>								
<i>Sids-4</i>								
<i>Gemmeza-7</i>								
<i>Gemmeza-9</i>								
<i>Gemmeza-10</i>								
<i>Canada-462</i>								
<i>Bacanora-88</i>								
<i>Nilen</i>								
<i>Grannmean</i>								

### Discussion de l'étude 5

Les objectifs de ce travail consistent à évaluer la diversité génétique et l'association des Traits-marqueurs de 20 variétés de blé tendre utilisant les marqueurs ISSR dans des conditions normales et de stress. Vingt variétés de blé tendre (*Triticum aestivum* L.) ont été plantés à la ferme expérimentale de la faculté de l'Agriculture, l'université Sohag, Egypte, en 2011/2012 Et récolter les saisons d'hiver 2012/2013 (Motawea et al. 2015).

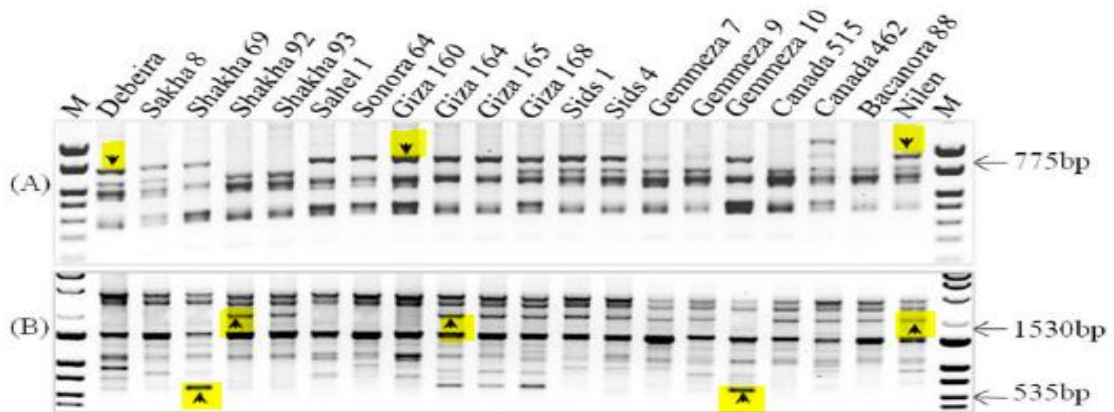
Cette enquête impliquait 20 variétés, qui présentent une variabilité génétique modérée à élever. Utilisant une méthode linéaire simple de régression, un total de 25 ISSR polymorphes Des marqueurs moléculaires ont été identifiés : cinq d'entre

Tableau 15 : pedigree et origines des 20 cultivars utilisés (Motawea et al. 2015)

Cultivar	Origin
Debeira	Sudan
Sakha-8	Egypt
Shakha-69	Egypt
Shakha-92	Egypt
Shakha-93	Egypt
Sahel-1	Egypt
Sonora-64	Mexico
Giza-160	Egypt
Giza-164	Egypt
Giza-165	Egypt
Giza-168	Egypt
Sids-1	Egypt
Sids-4	Egypt
Gemmeza-7	Egypt
Gemmeza-9	Egypt
Gemmeza-10	Egypt
Canada-515	Canada
Canada-462	Canada
Bacanora-88	Egypt
Nilen	Sudan

eux ont montré une Association significative et hautement significative avec les traits testés (Motawea et al. 2015).

Les résultats ont montré que deux marqueurs (**UBC-811**<sub>775bp</sub> Et **UBC-840**<sub>1530bp</sub>) ont été identifiés pour le caractère à savoir, le poids de 1000 grains et deux marqueurs **UBC-811**<sub>775bp</sub> Et **UBC-840**<sub>535bp</sub> ont été identifiés pour la hauteur de la plante et le nombre d'épis / m<sup>2</sup>



(Motawea et al. 2015).

### Conclusion de l'étude 5

La stabilité génétique et la diversité sont deux éléments clés pour l'amélioration de nombreuses plantes cultivées. Un défi majeur Pour les sélectionneurs de plantes est la sélection du génotype à haut rendement avec une meilleure adaptation à un large éventail d'environnements. D'après cette étude les Variétés ‘Shakha-93, Sahel-1, Giza-160, Giza-168, Sids-1, Sids-4 et Nilen’ étaient relativement résistantes à la sécheresse.

Par conséquent, ces variétés peuvent être utilisées comme géniteurs dans les Programme de sélection du blé en les croisant avec des variétés locales Qui ont un potentiel de rendement élevé pour combiner la tolérance à la sécheresse Avec des traits à haut rendement.

L'analyse de la stabilité a révélé que le cultivar 'Sids-1' a montré des rendements élevés et stables, alors ils sont recommandés d'être cultivé sous conditions de stress sécheresse comme une variété stable à haut rendement apte à la plantation sur la terres sèches égyptiennes et les zones arides de façon générale.

D'après ces chercheurs au moins un des marqueurs moléculaires ISSR identifiés dans cette étude seront validés Et peuvent être utilisé pour la sélection assistée par marqueur (MAS-Selection) dans de nombreux programmes de sélection du blé (Motawea et al. 2015).

**Etude 6 : Evaluation de la variation génétique de la tolérance au stress thermique au sein des géotypes de blé tendre de l'Inde utilisant des traits**

**morpho-physiologiques et des marqueurs moléculaires SSR**

Type de stress	Espèce	Cultivars	Origine	Type de marqueur	Nom du marqueur	Localisation chromosomique	Référence	Année d'étude
Stress Thermique	<i>Triticum aestivum</i>	AKW 381	Inde	SSR	WMC 153	1D, 3A	(Sharma, Sareen, Saini, & Shefali, 2016)P.G.R	2016
		DBW 14			WMC 154	2B		
		HD 2833			WMC 156	1B		
		K 7903			WMC 160	5B, 5D		
		K 9423			WMC 161	4A, 5D		
		NW 1014			WMC182	3B, 7A		
		RAJ 4083			WMC 187	NA		
		WH 533			WMC 198	2A		
		WR 544			WMC 222	1D, 3B		
		AKW 1071			WMC 232	4A, 7B		
		C 306			WMC 233	5D		
		HD 2864			WMC 242	NA		
		HS 277			WMC 245	2B, 2D		
		HUW 468			WMC 255	NA		
		HW 2045			WMC 261	2A, 3B		
					WMC 265	2B		
					WMC 322	3B		
					WMC 658	2A		
					GWM 02	NA		
	GWM 05	NA						

Tableau 16 suite : Tableau récapitulatif de l'étude 6

Type de stress	Espèce	Cultivars	Origine	Type de marqueur	Nom du marqueur	Localisation Chromosomique	Référence	Année d'étude
----------------	--------	-----------	---------	------------------	-----------------	----------------------------	-----------	---------------

Stress Thermique	<i>Triticum aestivum</i>	LOK 1	Inde	SSR	GWM 44	NA	(Sharma, Sareen, Saini, & Shefali, 2016): PGR	2016
		NIAW 34			GWM 63	7A		
		RAJ 3765			GWM 133	3A		
		RAJ 4037			GWM 140	1B		
		A-9-30-1			GWM 148	2B		
		DBW 16			GWM 149	4B		
		HD 2643			GWM 155	1D, 3A		
		HD 2781			GWM 156	3B		
		HP 1744			GWM 265	2A, 7D		
		HS 240			GWM 268	1B		
		HUW 234			GWM 296	2D, 7D		
		MACS 1967			GWM 312	2A		
		UP 2388			GWM 369	3A		
		UP 2526			GWM 377	NA		
					GWM 389	3B		
					GWM 390	6B		
					GWM 397	4A		
					GWM 413	1B		
					GWM 451	NA		
	GWM 455	2D						
	GWM 650	NA						

### Discussion de l'étude 6

Sur 125 SSR, seulement 41 ont été trouvés polymorphes et ils ont été répartis sur les différents chromosomes de blé. Le nombre maximal d'allèle amplifié était de 5,0 et la valeur

Genotype	Pedigree	HSI	HSI/TGW	Type
AKW 381	S 308/NI 5439	-0.4	0.68	HHT
DBW 14	RAJ 3765/PBW 343	0.4	2.19	HHT
HD 2833	PBW 226/HW 1042/HD 2285	-0.5	1.56	HHT
K 7903	HD 1982/K 816	0.4	1.89	HHT
K 9423	HP 1633/KALYAN SONA/UP 262	-2.6	0.21	HHT
NI 5439	REMP 80/3*NP 710	0.4	1.90	HHT
NW 1014	HAHN'S	0.2	-0.33	HHT
RAJ 4083	PBW 343/UP 2442/WR 258/UP 2425	0.1	1.16	HHT
WH 533	AGAATHA/YACORA 17	0.5	1.50	HHT
WR 544	KALYANSONA/HD1999/HD 2204/3/DW 38	-3	1.20	HHT
AKW 1071	VEE 'S'/3/FLN/ACC/ANA	1.2	1.11	MHT
C 306	RGN/CSK 3/2#C 591/3/C 217/N 14/C 281	1.5	1.31	MHT
HD 2864	DL 509-2/DL 377-8	1.5	0.40	MHT
HS 277	KAZ/CGN	0.8	0.66	MHT
HUW 468	CPAN 1962/TONI/LIRA 'S'/PRL S	0.7	1.25	MHT
HW 2045	HD 2402*6/SUNSTAR*6/C-80-1	1.3	0.91	MHT
LOK1	'S' 308/S 331	1.4	-0.51	MHT
NIAW 34	CNO 79/PRL "S"	0.8	1.45	MHT
RAJ 3765	HD 2402/VL 639	0.5	0.04	MHT
RAJ 4037	DL 788-2/RAJ 3717	1.4	1.62	MHT
A-9-30-1	A 206/GAZA	2.3	-0.83	LHT
DBW 16	RAJ 3765/WR 484//HUW 468	1.9	1.27	LHT
HD 2643	VEE'S'/HD 2407//HD 2329	1.7	0.79	LHT
HD 2781	BOW/C 306//C 591/ HW 2004	1.6	0.42	LHT
HP 1744	CIANO/PARULA//CHILERO/GARUDA	1.7	1.63	LHT
HS 240	AU/KAL-BB/S/WOP/PAVON	2.1	0.98	LHT
HUW 234	HUW 12*2/CPAN 1666//HUW 12	1.8	1.55	LHT
MACS 1967	GULAB/CPAN 1471	1.7	-0.01	LHT
UP 2388	UP 368/VL 421//UP 262	2.8	1.68	LHT
UP 2526	HD 2009/SONALIKA//HD 2329	1.6	1.03	LHT

moyenne de PIC était de 0,39 (Sharma et al. 2016).

### Conclusion de l'étude 6

Cette étude a identifié des variations génétiques importantes sur la tolérance à la chaleur chez 30 génotypes de blé, en se basant sur les traits phénotypiques et les marqueurs moléculaires. Cependant, les ISSR et les SSR ont été utiles pour caractériser la relation génétique mais n'ont pas pu distinguer le niveau de tolérance. Des génotypes de blé génétiquement divers ont été identifiés comme ayant une forte tolérance à la chaleur. Cette information est utile pour identifier une nouvelle source de tolérance pour les programmes de sélection et de culture obtenus par la suite des variétés de blé améliorées qui répondent le mieux aux défis posés par un climat changeant (Sharma et al. 2016).

## Étude 7 : Identification des marqueurs RAPD et ISSR pour le stress de la sécheresse chez quelques variétés égyptiennes de blé

Type de stress	Espèce	Cultivars	Origine	Type de marqueur	Nom du marqueur	Amorce	Référence	Année d'étude
Sécheresse	<i>Triticum durum L</i>	Bani-Swaif 1	Egypte	ISSR	M-1	5' (AC) 8 CG 3'	(Haiba, et al., 2016): EJER.	2016
		Bani-Swaif 3			UBC 811	5' (GA) 8 C 3'		
		Bani-Swaif 4			UBC- 817	5' (CA) 8 A 3'		
		Bani-Swaif 5			UBC-814-32	5' (CT) 7CCTA 3'		
		Bani-Swaif 6		RAPD	UBC 876-32	5' (GATA)2 (GACA) 3'		
		Sohag3			OPE-26	5' AACGGTGACC 3'		
					A-12	5' TCGGCGATAG 3'		
					E-10	5' CACCAGGTGA 3		
					OPT-08	5' AACGGCGACA 3'		
					OPC-19	5' GTTGCCAGCC 3'		
					OPX-17	5' GACACGGACC 3'		

### Discussion de l'étude 7

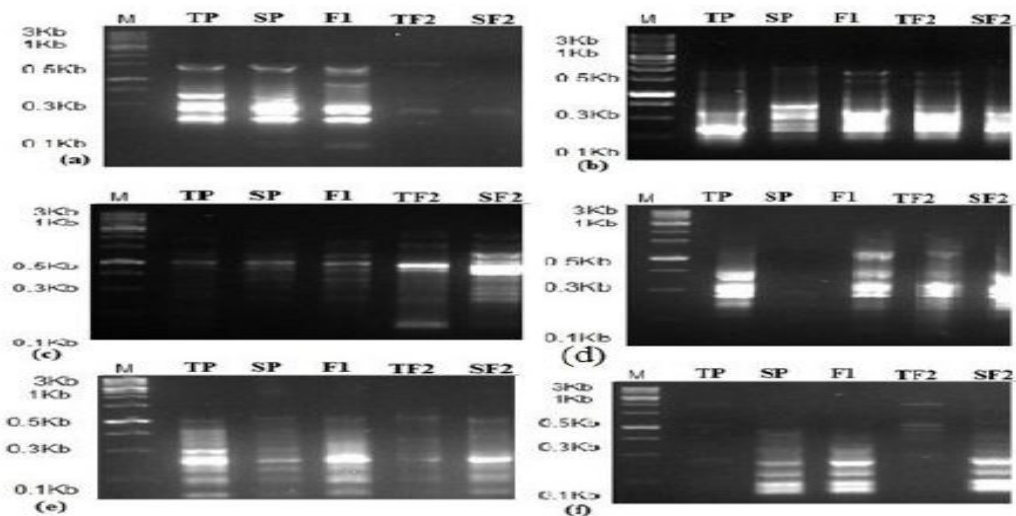
Six géotypes de blé dur, à savoir : “*BaniSwaif1,3, 4, 5, 6*” et “*Sohag3*” qui ont été bien accueillis par le Centre de recherche agricole, Gizeh, en Égypte. Champ Des expériences ont été réalisées dans les années 2011/2012, 2013/2014 et 2014/2015 en parcelles de recherche et dans une serre de la Faculté d'agriculture, Université de Zagazig, Egypte. Cinq répétitions de séquence inter-simples (ISSR) ont été utilisées pour détecter les marqueurs d'ADN de la sécheresse stress (Haiba et al. 2016).

- Les amorces **M1** ont présenté un marqueur positif avec une taille moléculaire de 510pb et un négatif avec une taille moléculaire de 175pb.
- L'amorce **UPC867-32** a montré un résultat de marqueur positif de 272pb et un marqueur négatif de taille moléculaire de 466pb.



- L'apprêt **UBC-811** a présenté un marqueur négatif de 589pb et deux positifs de 887, 258pb, Également l'amorce **UBC-817** a présenté un marqueur négatif de 478pb et deux marqueurs positifs de 358, 278pb.
- L'amorce **UPC814-32** a présenté deux marqueurs négatifs de taille moléculaire 261, 157pb et un marqueur positif avec une taille moléculaire de 119pb.

Ces bandes pourraient être considérées comme marqueurs utiles liés à la tolérance à la sécheresse dans les programmes de sélection du blé dur (Haiba et al. 2016).



### **Conclusion de l'étude 7 :**

Le stress causé par la sécheresse est l'un des principaux obstacles à la productivité du blé, développer des plantes cultivées avec une meilleure tolérance au stress de la sécheresse, divers outils génomiques ont contribué à améliorer notre compréhension de la perception et de la transduction du signal de stress, et le mécanisme de réglementation moléculaire.

La présente étude a utilisé RAPD et ISSR pour identifier les marqueurs associés à la tolérance de sécheresse. RAPD-PCR a présenté quatre marqueurs positifs et six négatifs, tandis que ISSR ont présenté sept marqueurs positifs et six négatifs. Les marqueurs moléculaires RAPD et ISSR utilisés dans ce travail pourraient être considérés comme marqueurs moléculaires fiables ont aidé à tolérer la sécheresse dans le blé dur et pourraient être utilisés dans les programmes de sélection et culture de blé (Haiba et al. 2016).

## Etude 8 : Caractérisation moléculaire, morphologique et anatomique de certains blés dur égyptiens

Type de stress	Espèce	Cultivars	Origine	Type de marqueur	Nom du marqueur	Amorce	Référence	Année d'étude
Sécheresse	<i>Triticum durum L</i>	Gizeh 203	Egypte	ISSR	HB-09	5' GTG TGT GTG TGT GC 3'	(Osama M.Saleh, Nahla Hamiedeldin, Ahmed F.Khafaga, &RashedM.Shoab, 2017): LSJ	2017
		Giza 409			HB 10	5' GAGAGAGAGAGACC 3'		
		Giza 413			HB 11	5' GTGTGTGTGTGTCC 3'		
		Giza 823			HB 12	5' CAC CACCAC GC 3'		
		Beniswif 1			HB 13	5' GAG GAGGAG GC 3'		
		Beniwif 2			HB 14	5' CTCCTCCTCGC 3'		
		Sohag 1			HB 15	5' GTGGTGGTGGC 3'		
		Sohag 2			OP-A07	5' GTAACCAGCC 3'		
		RAPD		OP-A09	5' GGGTAACGCC 3'			
				OP-A10	5' GTGATCGCAG 3'			
				OP-B07	5' GGTGACGCAG 3'			
				OP-B12	5' CCTTGACGCA 3'			
				OP-C11	5' AAAGCTGCGG 3'			
				OP-C18	5' TGAGTGGGTG 3'			
				OP-D02	5' GGACCCAACC 3'			
				OP-F04	5' GGTGATCAGG 3'			
				OP-F08	5' GGGATATCGG 3'			

### Discussion de l'étude 8

Des Grains de huit blé dur “*Triticum durum L.*” dont les Cultivars : “*Gizeh 203, Giza 409, Giza 413, Giza 823, Beniswif 1, Beniswif2, Sohag 1 et Sohag2*” étaient obtenu auprès du Centre de Recherche Agricole (ARC), Gizeh, Egypte (Osama et al. 2017).

Les grains de ses huit cultivars de blé dur ont été testés pour l'identification de la relation génétique entre le niveau moléculaire, anatomique et morphologique. Au niveau moléculaire, deux techniques ont été utilisées ; Amplification Aléatoire de l'ADN Polymorphe (RAPD) et les répétitions inter-séquences simples (ISSR) (Osama et al. 2017).

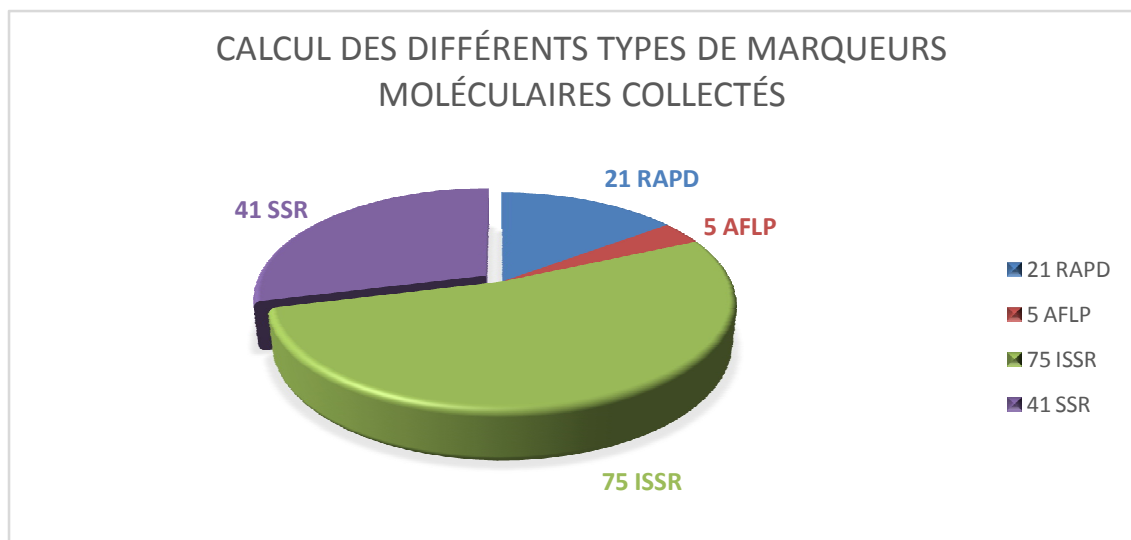
La détection de la relation génétique est très utile pour que les sélectionneurs connaissent la meilleure relation entre les cultivars des programmes de sélection et culture de blé et cela pour obtenir le meilleur hybride avec des caractères améliorés spécialement afin de couvrir la consommation accrue dans le monde entier (Osama et al. 2017).

### III- Bilan statistique :

Tableau 20 : Tableau statistique des résultats cités

Cultivars	Types parqueurs	Nombre de marqueurs
Total : 125	RAPD AFLP ISSR SSR	142

Source : Données fictives fournies à des fins d'illustration uniquement



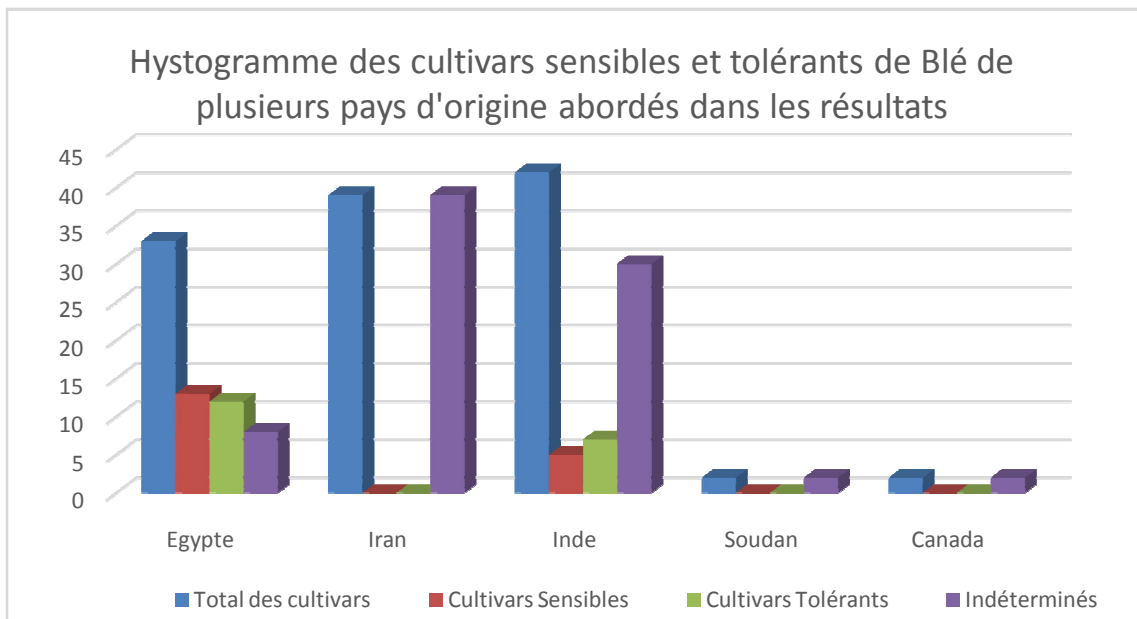


Figure 25 : Représentation graphique des cultivars cités ainsi que leurs origines

# Conclusion

Les efforts des recherches sur le blé sont à la mesure de l'importance économique de cette culture. Les stress abiotiques sont les principales contraintes qui menacent considérablement la culture et la production de cette céréale. Aujourd'hui, avec le marquage moléculaire, de nouvelles perspectives s'ouvrent pour les sélectionneurs, ces marqueurs comme nous avons vu dans les résultats précédents, sont des outils rapides et importants pour évaluer la diversité génétique chez les cultivars de blé, et identifier des nouvelles sources de tolérance pour les appliquées dans les programmes de sélection et culture; leur utilisation nous mène à obtenir par la suite des cultures plus performantes, et qui répond le mieux aux défis abiotiques posé par un climat , afin de couvrir la consommation accrue dans le monde entier.

Par cette recherche *in silico* que nous avons établi, qui était de type documentaire, suivi d'une analyse et collection des données textuelles à partir des articles sélectionnés, nous avons pu atteindre l'objectif visé au départ de ce travail, qui s'agissait de constituer un mini recueil de différents types de marqueurs moléculaires (RAPD/ISSR/SSR/ AFLP/RFLP) liés aux stress abiotiques qui menacent les cultures de blé et affectent ses performances.

Nous avons pu collecter au sein de ce recueil 142 marqueur moléculaire de différents types, dont : 21 RAPD / 5 AFLP / 75 ISSR et 41 SSR ; ces derniers ont été utilisés pour l'identification, l'évaluation, et l'amélioration des performances d'une centaine – 125 - cultivars de blé originaires de plusieurs régions du monde (l'Inde - Egypte - Soudan - Canada - Iran). Nos résultats sont représentés sous forme de tableaux spécifique à chaque étude. Puis regroupé en seul document joint en Annexe. Ce travail servira comme référence et support aux autres biologistes travaillant.



## ANNEXE

## RECEUIL

Type de stress	Espèce	Cultivars	Origine	Type de marqueur	Nom du marqueur	Amorce	Référence	Année d'étude
Hydrique	Triticum aestivum L	Cultivars sensibles :	Egypte	RAPD	Pr11230bp	5' CAATCGCCGT 3'	(Sana Ibrahim Milad, Lydia Elias Wahba, & Mohamed Najeb Barakat, 2011) : AJCS	2011
		"Variant1" Dérivée de "Sakha"			Pr19240bp	5' CAAACGTCCG 3'		
		Cultivars tolérants veery		ISSR	OPU06340bp OPH13450bp M11100bp AD2300bp	5' ACCTTTGCGG 3' 5' GACGCCACAC 3' 5'(AC) 8CG3' 5'(AGC) 6G3'		
Sécheresse	Triticum aestivum L	Cultivars sensibles:	Inde et plusieurs régions	ISSR	UBC812 700pb UBC8341700pb UBC8811500pb	(5'GAGAGGAGAGAGAGAA3') (5'AGAGAGAGAGAGAGAGYT 3' Y = C / T) (5 'GGGTGGGGTGGGGTG 3')	(Reena Deshmukh, Nawab Singh Tomar, Niraj Tripathi, & Sharad Tiwari, 2012): PMBP	2012
		Cultivars tolérants :			RAPD	OPO-5 2400pb		
Sécheresse	Triticum aestivum L	Shiroodi (1) Aria (2) Darya (3) Dix (4) Kiknejad (5) Atila4 (6) Akbari (7) Dieux (8) Sepehan (9) Atila50 (10) Sistan (11) Moghan (12) Karaj3 (13) Bahar (14) Darab (15)	Iran	ISSR	1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15	5 'AGAC AGACGC 3' 5 'GACAGACAGACA GACA 3' 5 'AGAGAGAGAGAGAGAGC3' 5 'ACAGACAGCG 3' 5 'AACAACAACGC 3' 5 'GATAGATATG 3' 5'GAGAGAGAGAGAGAGAT 3 ' 5 'GACGACGACGACG 3' 5 'TCTCTCTCTCTCTCC 3' 5 'CGTCGTCGTCGT 3' 5 'GTGGTGGTGGC 3' 5 'TTGTTGTTGTTGTTGC 3' 5 'ACACACACACACACACYG 3' 5 'CACACACACT 3' 5 'ACGACGACGACGAAC 3'	(Behnam Firoozi, Omid Sofalian, Majid Shokrpoor, Ali Raoulzadeh, & Fatemeh Ahmadpoor, 2012): NSB.	2012



Kavir (16)	16	5 'CACACACACACAAG 3'
MS18-14 (17)	17	5 'AGAGAGAGAGAGAGAGG 3'
Arta (18)	18	5 'CCACCACCACCACCA 3'
Verinak (19)	19	5 'AGAGAGAGAGAGAGAGT 3'
Azadi (20)	20	5 'AATAATAATDG 3'
Yavaroos (21)	21	5 'ACTCACTCGC 3'
Marvadasht (22)	22	5 'ATGATGATGATGATGATG 3'
Mahdarvi (23)	23	5 'GTGTGTGTGTGTGTGTGTYG 3'
Charman (24)	24	5 'GACAGACAGACAGACA 3'
Tabasi (25)	25	5 'ATCATCATCCG 3'
LineA (26)	26	5 'GATCGATCGATCGC 3'
	27	5 'CTTCACTTCACTTCA 3'
Karkkeh (27)	28	5 'GAGGAGGAGGC3'
Karaj2 (28)	29	5 'ACACACACACACACTT 3'
Roshan (29)	30	5 'GAGAGAGAGAGAGAGAC 3'
Sholeh (30)	31	5 'CACCACCACGC 3'
Arvand (31)	32	5 'AGAGAGAGAGAGAGAC 3'
Chanab (32)	33	5 'AAGAAGAAGGC 3'
Hirmand (33)	34	5 'CACACACACACACAG 3'
Alborz (34)		
Falat (35)		
Bordeaux (36)		
Golestant (37)		
6 (38)		
Sorkhtokhm (3)		

Sécheresse	Triticum aestivum Cultivars sensible:	Egypte	ISSR	814	5' (CT)8TG 3'	(Al-Kordy, et al., 2013) : LSJ	2013	
	Sakha95 (e)			844A	5' (CT)8AC 3'			
	Gimeza9 (f)			844B	5' (CT)8GC 3'			
	Giza168 (g)			17898A	5' (CA)6AC 3'			
	Sahel 1 (h)			17898B	5' (CA)6GT 3'			
				17899A	5' (CA)6AG 3'			
				17899B	5' (CA)6GG 3'			
				HB8	5' (GA)6GG 3'			
	Cultivars tolérants :			HB9	5' (GT)6GG 3'			
				HB10	5' (GA)6CC 3'			
	Misr2 (a)			HB11	5' (GT)6CC 3'			
				HB12	5' (CAC)3GC 3'			
	Gimeza10 (b)			HB13	5' (GAG)3GC 3'			
				HB14	5' (CTC)3GC 3'			
	Sakha93 (c)			HB15	5' (GTG)3GC 3'			
				UCB-820	5' (GT)8C 3'			
	Sakha94 (d)			UCB-827	5' (AC)8G 3'			
				Marqueur1	5' CCA/ACT 3'			
				Marqueur 2	5' CAC/ACA 3'			
				Marqueur 3	5' CAG/AAC 3'			
				Marqueur 4	5' CTC/AAG 3'			
				Marqueur 5	5' CAA/ACC 3'			
Sécheresse	Triticum aestivum	Debeira	Egypte	ISSR	UBC-811	5' (GA)8AC 3'	(Motawea, Said, & Khaled, 2015)P.B.B.	2015
	Sakha-8				UBC-812	5' (GA)2GG(AG)4AA 3'		
	Sakha-69	Soudan			UBC-815	5' (TC)8A 3'		
	Sakha-92				UBC-833	5' (GA)8TT 3'		

Sakha-93	Mexique	UBC-834	5' (AG)8YT 3'
Sahel-1		UBC-840	5' (CT)8TT 3'
Sonora-64	Canada	UBC-849	5' (GT)8YA 3'
Giza-160		UBC-880	5' (TC)8AA 3'
Giza-164			
Giza-165			
Giza-168			
Sids-1			
Sids-4			
Gemmeza-7			
Gemmeza-9			
Gemmeza-10			
Canada-462			
Bacanora-88			
Nilen			
Grandd mean			

Stress hydriqu	Triticum aestivum	AKW 381	Inde	SSR	WMC 153	1D, 3A	(Sharma, Sareen, Saini, & Shefali, 2016)	P.G.R	2016
		DBW 14			WMC 154	2B			
		HD 2833			WMC 156	1B			
		K 7903			WMC 160	5B, 5D			
		K 9423			WMC 161	4A, 5D			
		NW 1014			WMC182	3B, 7A			
		RAJ 4083			WMC 187	NA			
		WH 533			WMC 198	2A			
		WR 544			WMC 222	1D, 3B			
		AKW 1071			WMC 232	4A, 7B			
		C 306			WMC 233	5D			
		HD 2864			WMC 242	NA			
		HS 277			WMC 245	2B, 2D			
		HUW 468			WMC 255	NA			
		HW 2045			WMC 261	2A, 3B			
					WMC 265	2B			
					WMC 322	3B			
					WMC 658	2A			
					GWM 02	NA			
					GWM 05	NA			
					GMW 44	NA			
					GWM 63	7A			
					GWM 133	3A			
					GWM 140	1B			
					GWM 148	2B			
					GWM 149	4B			
					GWM 155	1D, 3A			
					GWM 156	3B			
					GWM 265	2A, 7D			
					GWM 268	1B			
					GWM 296	2D, 7D			
					GWM 312	2A			
					GWM 369	3A			
					GWM 377	NA			
					GWM 389	3B			
					GWM 390	6B			
					GWM 397	4A			

					GWM 413	1B		
					GWM 451	NA		
					GWM 455	2D		
					GWM 650	NA		
Sécheresse	Triticum aestivum	Bani-Swaif 1 Bani-Swaif 3 Bani-Swaif 4 Bani-Swaif 5 Bani-Swaif 6 Sohag3	Egyptes	ISSR	M-1 UBC 811 UBC- 817 UBC-814-32 UBC 876-32	5` (AC) 8 CG 3` 5` (GA) 8 C 3` 5` (CA) 8 A 3` 5` (CT) 7CCTA 3` 5` (GATA)2 (GACA) 3`	(Haiba, et al., 2016): EJER.	2016
				RAPD	OPE-26 A-12 E-10 OPT-08 OPC-19 OPX-17	5` AACGGTGACC 3` 5` TCGGCGATAG 3` 5` CACCAGGTGA 3` 5` AACGGCGACA 3` 5` GTTGCCAGCC 3` 5` GACACGGACC 3`		
Sécheresse	Triticum aestivum	Gizeh 203 Giza 409 Giza 413 Giza 823 Beniswif 1 Beniwif 2 Sohag 1 Sohag 2	Egypte	ISSR	HB-09 HB 10 HB 11 HB 12 HB 13 HB 14 HB 15	5` GTG TGT GTG TGT GC 3` 5` GAGAGAGAGAGACC 3` 5` GTGTGTGTGTGTCC 3` 5` CAC CACCAC GC 3` 5` GAG GAGGAG GC 3` 5` CTCCTCCTCGC 3` 5` GTGGTGGTGGC 3`	(Osama M.Saleh, Nahla Hamiedeldin, Ahmed F.Khafaga, & Rashed M.Shoab, 2017): LSJ	2017
				RAPD	OP-A07 OP-A09 OP-A10 OP-B07 OP-B12 OP-C11 OP-C18 OP-D02 OP-F04 OP-F08	5` GTAACCAGCC 3` 5` GGGTAACGCC 3` 5` GTGATCGCAG 3` 5` GGTGACGCAG 3` 5` CCTTGACGCA 3` 5` AAAGCTGCGG 3` 5` TGAGTGGGTG 3` 5` GGACCCAACC 3` 5` GGTGATCAGG 3` 5` GGGATATCGG 3`		

# La Recherche *In Silico* Des Marqueurs Moléculaires Liés Aux Stress Abiotiques Chez Le Blé

Mémoire de fin de cycle pour l'obtention du **diplôme de Master** en : Biologie et Génomique Végétale

## Résumé

Les efforts de recherche sur le blé dur et tendre sont à la mesure de l'importance économique de cette culture. Les stress biotiques et abiotiques sont les principales contraintes qui menacent considérablement la culture et la production de cette céréale. Aujourd'hui, avec le marquage moléculaire, de nouvelles perspectives s'ouvrent pour les sélectionneurs, par l'utilisation des marqueurs dans le but d'améliorer le rendement et augmenter la productivité l'amélioration des plantes consiste à créer une variabilité génétique nouvelle.

Une autre approche au service des sciences et des chercheurs, la bio-informatique qui par le développement d'Internet, de la capacité de stockage des supports informatiques, des algorithmes de compression et de la vitesse des réseaux rapprochent les différents types de bases de données, qui sont des outils indispensables à tout travail de recherche et à toutes les étapes du parcours étudiant et professionnel, et aussi adaptables aux besoins et exigences de chacun.

Dans ce travail, nous avons visé de constituer un mini recueil des différents types de marqueurs moléculaires (SSR, ISSR, RFLP, AFLP, RAPD) liés aux contraintes abiotiques chez une diversité de cultivars de Blé, cela à partir de la collecte et l'analyse des données textuelles obtenus par notre recherche *in silico* de type documentaire.

Vous trouvez au sein de ce recueil 125 marqueur moléculaire de différents types, et qui ont été utilisés pour l'identification, l'évaluation, et l'amélioration des performances d'une centaine - 117- cultivars de blé originaire de plusieurs régions dans le monde (l'Inde - Egypte - Soudan - Canada - Iran. Ce travail servira comme référence et support aux autres biologistes travaillant sur le marquage moléculaire ou les stress abiotique chez cette céréale de grand poids économique

**Mots Clés :** Blé, Stress Abiotique, ISSR, SSR, RAPD, RFLP, AFLP, Recherche *in silico*, Bases de données bibliographiques

**Laboratoire de recherche :** .....

Jury d'évaluation :

**Présidente du jury :** *Mme.HAMMOUDA Dounia* (MCA - UFM Constantine),  
**Rapporteur :** *Mme.BOUSBAA* (MCA - UFM Constantine),  
**Examinatrice :** *Mme.KACEM Sandra* (MCB - UFM Constantine).

**Date de soutenance :** 19 /06/2017