



**HAL**  
open science

## Protéagineux : des ressources génétiques à l'innovation variétale

Catherine Delaitre, Florence Naudé Cassecuelle, Myriam Huart Naudet,  
Richard Thompson, Gérard Duc, Judith Burstin

### ► To cite this version:

Catherine Delaitre, Florence Naudé Cassecuelle, Myriam Huart Naudet, Richard Thompson, Gérard Duc, et al.. Protéagineux : des ressources génétiques à l'innovation variétale. Séminaire protéines végétales CVT AllEnvi, Nov 2014, Paris, France. , 2014. hal-02739971

**HAL Id: hal-02739971**

**<https://hal.inrae.fr/hal-02739971>**

Submitted on 2 Jun 2020

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

# Protéagineux : Des ressources génétiques à l'innovation variétale



## Pourquoi les Légumineuses?

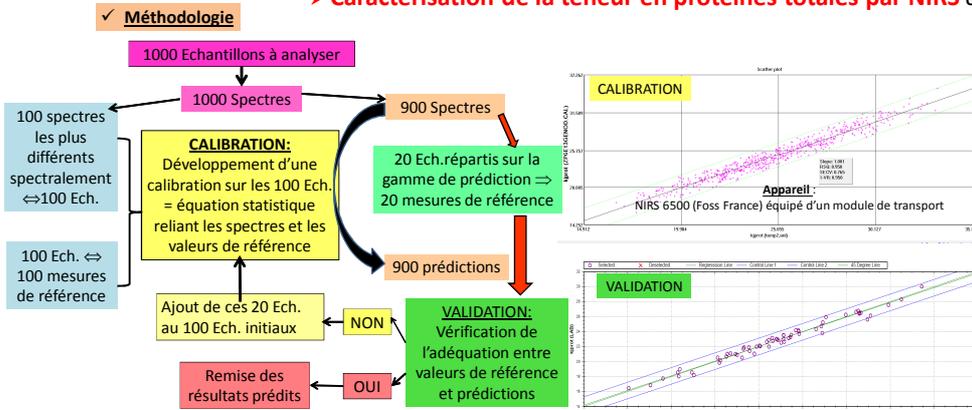
Bonne valeur nutritionnelle pour l'animal et l'homme : fractions et composés bioactifs valorisables  
Taux de protéines stable et élevé  
Élimination de facteurs anti-nutritionnels : anti-tryptique et tannins

C. Delaitre, F. Naudé-Cassecuelle, M. Huart-Naudet, R. Thompson, G. Duc, J. Burstin,  
INRA-UMR Agroécologie, pôle GEAPSI, Equipe Cible Protéagineux.  
17 rue Sully - BP 86510  
21065 Dijon cedex  
France

## Compétences au service de ces objectifs

❖ **Valorisation de la biodiversité du Centre de Ressources Génétiques des Protéagineux** Contact: [catherine.delaitre@dijon.inra.fr](mailto:catherine.delaitre@dijon.inra.fr)

➤ **Caractérisation de la teneur en protéines totales par NIRS** Contact: [myriam.huart@dijon.inra.fr](mailto:myriam.huart@dijon.inra.fr)



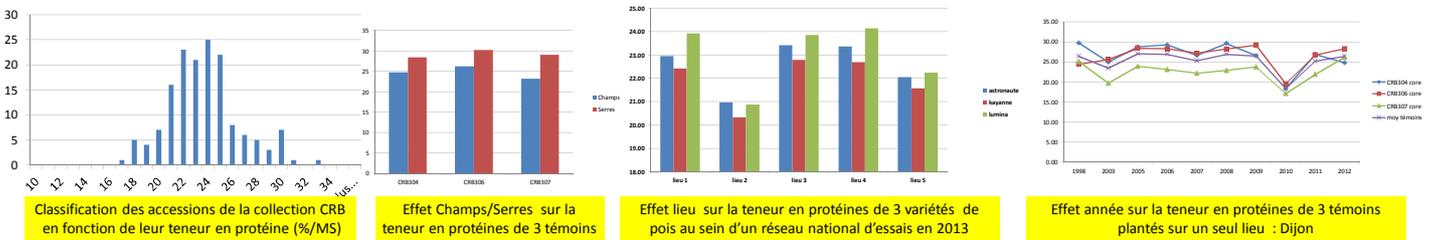
**Calibration développée sur graines entières de POIS:**

- sur une base de 615 échantillons récoltés de 2002 à 2013
- Traitement mathématique : PLS, SNV Detrend 1,5,5,1
- Méthode de référence de la teneur en protéine au sein de notre laboratoire: Kjeldahl (Norme NF EN Iso 20483)
- Gamme de teneurs en protéines: de 14,5% à 35% avec une moyenne de 24.75%
- Paramètres obtenus: Pente=1.001, R<sup>2</sup>= 0.950, SECV= 0.765, SEC= 0.734

**Validation des prédictions**

- effectuée sur 61 échantillons de graines entières de Pois R2013
- Paramètres obtenus: Pente=0.980, R<sup>2</sup>=0.976, SEP=0.442, SEP(C)=0.446

## Applications aux génotypes du CRG



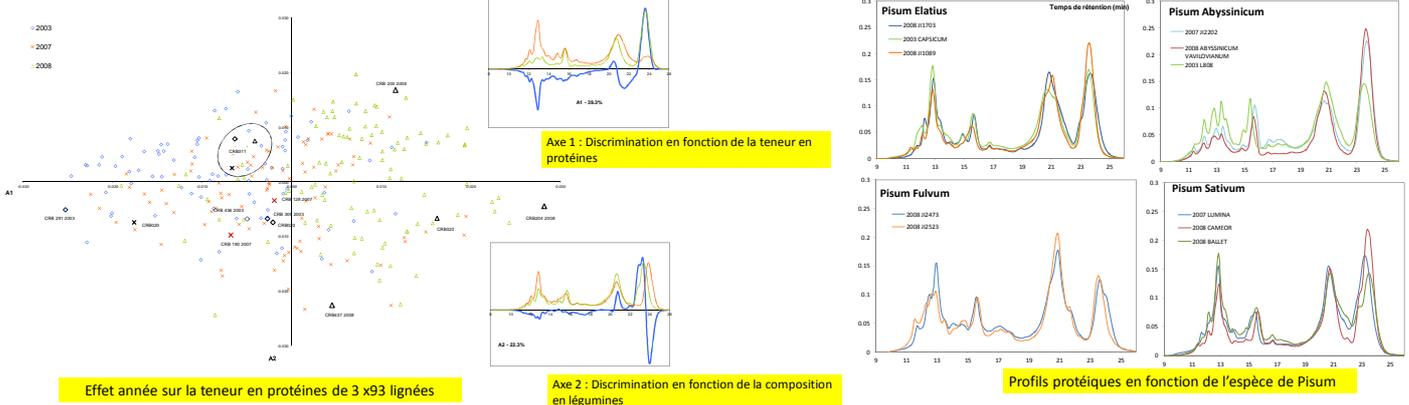
➤ **Analyse qualitative de la composition protéique par FPLC** Contact: [florence.cassecuelle@dijon.inra.fr](mailto:florence.cassecuelle@dijon.inra.fr)

## Méthodologie

Sur farines de graines mures, élimination des tanins par traitement à l'acétone, puis extraction des protéines solubles en conditions non dénaturantes selon Baniel et al, 1998. Filtration des extraits protéiques à 0,22µm et injection des échantillons sur une colonne MonoQ 5/50 GL GE Healthcare échangeuse d'anions. Détection à 214nm des protéines éluées grâce à un gradient en NaCl. Obtention de profils protéiques.

## Application aux génotypes du CRG

Analyse de 3x93 lignées produites en 2003, 2007 et 2008. Les profils protéiques obtenus par FPLC sont utilisés pour une analyse en composante principale.



## Savoir utiliser nos ressources dans les programmes de recherche et de sélection

LEGATO (Legumes for the Agriculture of Tomorrow, <http://legato-fp7.eu/>), un projet européen FP7-KBBE (2014-2017) coordonné par l'INRA

→ Un volet du projet : la mise au point de **légumineuses à graines comme sources de protéines pour la consommation humaine**.

- Analyse nutritionnelle, organoleptique et technologique de ressources génétiques de pois, féverole, et d'autres légumineuses à graines
- La perception des consommateurs des denrées alimentaires à base de légumineuses
- Aide au développement de variétés mieux adaptées



PeaMUST, Adaptation Multi-Stress et Régulations biologiques pour l'amélioration du rendement et de la stabilité du pois protéagineux

→ l'objectif du projet PeaMUST est de développer de nouvelles variétés de pois et d'optimiser leurs interactions symbiotiques pour stabiliser le rendement et la qualité des graines de pois, dans le contexte du changement climatique et de la réduction de l'utilisation des pesticides.

## Bibliographie

BOURGEOIS, M., JACQUIN, F., CASSECUELLE, F., SAVOIS, V., BELGHAZI, M., AUBERT, G., QUILLIEN, L., HUART, M., MARGET, P., BURSTIN, J., 2011. A PQL (protein quantity loci) analysis of mature pea seed proteins identifies loci determining seed protein composition. *Proteomics* 11: 1581-1594.

BURSTIN, J., P. MARGET, M. HUART, A. MOESSNER, B. MANGIN et al., 2007. Developmental genes have pleiotropic effects on plant morphology and source capacity, eventually impacting on seed protein content and productivity in pea. *Plant Physiology* 144: 768-781.

SCHILTZ, S., G. GALLARDO, M. HUART, L. NEGRONI, N. SOMMERER et al., 2004. Proteome reference maps of vegetative tissues in pea. An investigation of nitrogen mobilization from leaves during seed filling. *Plant Physiology* 135: 2241-2260.

**Forces :**  
ressources génétiques et génomiques  
compétences pluridisciplinaires et collaborations internationales  
actions de transfert vers les partenaires professionnels