



HAL
open science

Nouvelles recherches dans le domaine de la composition et la qualité du grain de blé

Gerard G. Branlard

► **To cite this version:**

Gerard G. Branlard. Nouvelles recherches dans le domaine de la composition et la qualité du grain de blé. Présentation à l'Assemblée des Sélectionneurs français, Jan 2001, Genevilliers, France. 3 p. hal-02830679

HAL Id: hal-02830679

<https://hal.inrae.fr/hal-02830679>

Submitted on 7 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.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0
International License

Nouvelles recherches dans le domaine de la composition et la qualité du grain de blé.

G. Branlard

INRA UMR ASP-UBP, 234 av. du Brezet 63039 Clermont Fd Cedex 02, France

Présentation ASF (Assemblée des Sélectionneurs Français) , Genevillier, 18 Janvier 2001

Résumé

Les recherches menées à l'INRA de Clermont-Ferrand ont largement porté sur la diversité biochimique et génétique des protéines de réserve du grain de blé, sur l'influence de cette diversité, du taux de protéines et de la dureté du grain sur un certain nombre de paramètres de la qualité fournis par les tests indirects, comme le Pelschenke, le Zeleny, et l'aléographe Chopin.

L'approche moléculaire et protéomique de la qualité va permettre d'identifier des gènes impliqués dans l'expression des propriétés technologiques des farines.

Dans la variation génétique des paramètres rhéologiques, le rôle des protéines de réserves, surtout les gluténines de haut et faible poids moléculaires, mais aussi de certaines gliadines n'est plus à démontrer. Les gènes responsables de leur synthèse sont localisés sur les chromosomes des groupes 1 et 2 sur 18 locus, pour la plupart formés de "clusters de gènes" multialléliques dans l'espèce blé tendre. Les protéines de réserve ont, pour plusieurs d'entre elles, été séquencées et la position des acides aminés soufrés a permis de définir leur structure monomérique (gliadines) et polymérique (gluténines). Leur rôle, dans les propriétés de viscoélasticité du gluten, est largement associé à la variation de leur structure (réseau protéique formé par les ponts disulfures, les liaisons hydrogènes et interactions hydrophobes) et de la quantité respective des gliadines et gluténines.

En sélection, les techniques de marquages à partir des protéines peuvent en outre permettre d'identifier des allèles particuliers dans les ressources génétiques, définir des programmes de croisements, trier les descendances ou encore identifier des blés hybrides.

La dureté de l'albumen détermine deux grands types de blé (soft ou hard) en fonction de la taille moyenne des particules de farine et de leur dispersion. Elle a une influence reconnue sur la granulométrie des farines et leur propriétés technologiques. Les blés "soft" ont généralement une courbe alvéographe caractérisant une pâte moins tenace mais plus extensible que celle des blés "hard". Le gène majeur (HA/ha) localisé sur 5Ds est proche de gènes codant pour les puroindolines. Mais à ce jour aucune preuve directe de l'influence des puroindolines sur l'agrégation des granules d'amidon à la matrice protéique (phénomène de dureté) n'a été apportée. L'étude de ce phénomène devrait largement bénéficier des apports de l'analyse protéomique.

En effet, le protéome, qui définit l'ensemble des protéines présentes dans un tissu à un stade donné, peut être étudié grâce aux outils de micro-séquençage et de spectrométrie de masse. Les protéines préalablement séparées par électrophorèse bidimensionnelle sont soumises à une hydrolyse trypsique. Les fragments peptidiques résultants sont analysés par spectrométrie pour déterminer leur masse et leur séquence en acides aminés. Ces informations, même partielles peuvent suffire à identifier la protéine (et ou la séquence ARNm correspondante) si celles-ci figurent dans une base de données. Ce type d'analyse représente un nouvel outil,

notamment pour l'étude des relations génotype-milieu, en révélant des modifications post-traductionnelles exprimées dans le phénotype. Ainsi il a pu être montré une influence de la température sur les variations qualitatives (présence/absence) et quantitatives dans l'accumulation des protéines du grain

De nombreuses recherches vont bénéficier de l'analyse protéomique. La cartographie des gènes impliqués dans le protéome (c'est à dire l'ensemble des protéines de la structure et des fonctions enzymatiques de la cellule), la recherche de gènes candidats notamment au niveau des QTL fournis par l'analyse de descendances cartographiées, l'étude des mécanismes de régulation associés ou non à l'influence du milieu, en sont quelques thèmes importants pour l'amélioration génétique. Pour illustrer ces recherches quelques exemples sont donnés ci-dessous:

Les puroindolines ont un effet sur l'alvéolage de la mie de pain. Leur diversité jusqu'ici étudiée par chromatographie et plus récemment par séquençage des deux gènes Puro-a et Puro-b a révélé un polymorphisme. L'électrophorèse bidimensionnelle a montré qu'il existe un ensemble de spots associés à ces protéines dont les variations qualitatives et quantitatives seront précisées par l'analyse protéomique. La recherche des gènes correspondants devrait en être facilitée.

Les granules d'amidon constituent environ 70% du poids du grain. Elles sont synthétisées par un ensemble de gènes qu'il convient de déterminer si l'on veut progresser dans l'étude de la qualité de l'amidon et dans celle de la stabilité du rendement (poids du grain). Le gène de dureté ne semble pas influencer la taille des granules A et B de l'amidon du blé. L'analyse protéomique, qui révèle un grand nombre de protéines présentes à l'intérieur des granules ou fortement adhérentes à leur parois, devrait permettre de les identifier et de localiser les gènes correspondant dans le génome et de repérer des formes alléliques dans les collections. Les GBSS (Granule Binding Starch Syntase) qui font partie de ces protéines, sont spécifiquement associée à la synthèse de l'amylose. Les gènes correspondants situés au locus Wx-A1, Wx-B1 et Wx-D1, respectivement sur les chromosomes 7AS, 4AL et 7DS présentent un faible polymorphisme allélique. Il est suffisant pour créer un blé "waxy", dépourvu d'amylose, qui peut trouver son application dans de nombreuses transformations technologiques de l'amidon (épaississant, agents de texture, sirops etc...) et probablement en panification.

D'autres composants associés à la qualité du blé seront mieux connus grâce à l'approche protéomique. Les pentosanes solubles qui augmentent la viscosité et diminuent l'extensibilité des pâtes présentent une variabilité de composition fortement dépendante du génotype. L'analyse protéomique de lignées recombinantes permettra d'avancer dans la connaissance des gènes impliqués dans la synthèse de ces constituants pariétaux. Les recherches sur le marquage moléculaire n'ont pas permis, pour l'instant, d'identifier des gènes associés à la résistance à la germination sur pied. Des QTL ont été mis en évidence. Sur ce sujet la teneur en subérine et en cire dans le péricarpe, influençant la couleur du grain, est un des principaux facteurs physiques qui s'oppose à la pénétration de l'eau et favorise la résistance du grain à la germination. L'étude de l'influence de facteurs du milieu sur la mise en place de la sensibilité/résistance à la germination sur pied devrait avantageusement bénéficier d'une approche conjointe par l'analyse du transcriptome et du protéome. Plusieurs équipes ont aussi engagé des recherches sur les substances allergisantes de la farine, tant au niveau des albumines et globulines que des protéines de réserve. Là encore des avancées substantielles sont attendues par l'analyse protéomique.

L'analyse des facteurs impliqués dans le déterminisme génétique de la valeur d'utilisation a permis de localiser jusqu'ici une quarantaine de locus. Ce nombre va rapidement être dépassé par les approches de séquençage à haut débit, de génotypage et d'analyse protéomique.

En conclusion on peut affirmer que:

- le contrôle des facteurs génétiques impliqués dans la dureté de l'albumen apportera une plus grande maîtrise de la qualité spécifiquement exigée par les principales transformations.
- l'identification des gènes de synthèse de l'amidon permettra la sélection de blés ayant une composition spécifique en amidon.
- l'analyse protéomique et celle du génome vont permettre d'identifier des gènes importants dans la régulation de l'expression des protéines de réserve, des pentosanes et des enzymes du métabolisme de l'amidon.
- les robots de génotypage devraient ouvrir la voie à une sélection assistée de nombreux marqueurs pour obtenir des blés répondant plus sûrement aux critères technologiques de la transformation et aux demandes de qualité des consommateurs.