

PROTOUR : Développement d'outils rapides de sélection pour la teneur en protéine et l'aptitude au décorticage du tournesol

Sylvain Tréguier¹, Magali Roussel³, Delpierot Augustin⁴, Claire Reculé¹, Jérémy Manzini¹, Patrick Carré², Alexandre Cavaco Soares⁵, Sylvie Dauguet², Marie Coque³, Raphaëlle Girerd⁶, Vincent Jauvion^{1*}, Thierry André³, Laurent Gervais⁴

¹ TERRES INOVIA, Laboratoire d'analyses physicochimiques, 270 Av. de la Pomme de Pin, 45160 ARDON, France

² TERRES INOVIA, Parc industriel, 11 rue Gaspard Monge, 33600 PESSAC, France

³ SOLTIS, 6 Chemin de Panedautes, 31700 MONDONVILLE, France

⁴ RAGT 2n, La Courtade Haute, 81600 RIVIERES, France

⁵ ITERG, Parc industriel, 11 rue Gaspard Monge, 33600 PESSAC, France

⁶ SOFIPROTEOL, 11 rue de Monceau, 75008 PARIS, France

* Auteur en charge de la présentation : v.jauvion@terresinovia.fr

Contexte et objectifs

La graine de tournesol accumule essentiellement deux types de composés de réserve : des lipides et de la protéine. Pour les variétés oléiques, ces composés représentent respectivement 50% et 18% de la matière sèche de la graine en moyenne.

Une fois décortiquée et déshuilée, la graine de tournesol permet de produire un tourteau riche en protéine qui est très bien valorisé en élevage, et qui ne comporte pas ou peu de facteurs antinutritionnels contrairement à d'autres tourteaux.

Aujourd'hui, il n'est pas évident de trouver des hybrides riches en protéine car le caractère de teneur en protéine de la graine est pour l'instant très peu pris en compte dans les programmes de sélection. Une amélioration des hybrides pour ce caractère permettrait donc de faire progresser l'intérêt pour le tourteau de tournesol et faciliterait sa production.

L'objectif de cette étude est donc de développer des outils d'analyse rapide de la teneur en protéine pour le tournesol.

Matériels et méthodes

Un panel de 30 hybrides et un panel de 65 lignées ont été expérimentés pendant une année sur différents lieux, pour un total de 270 hybrides et de 130 lignées, soit un total de 400 échantillons.

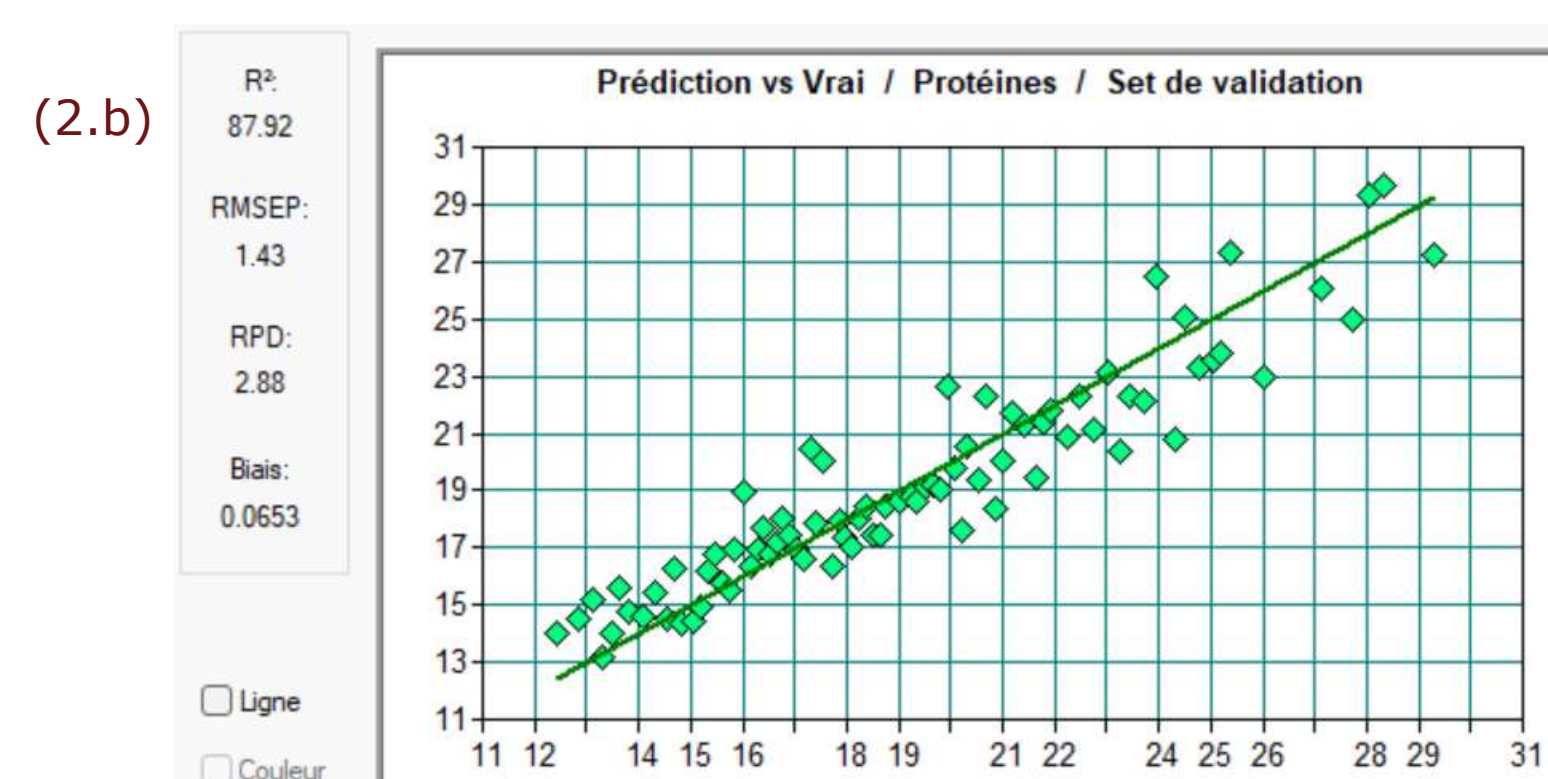
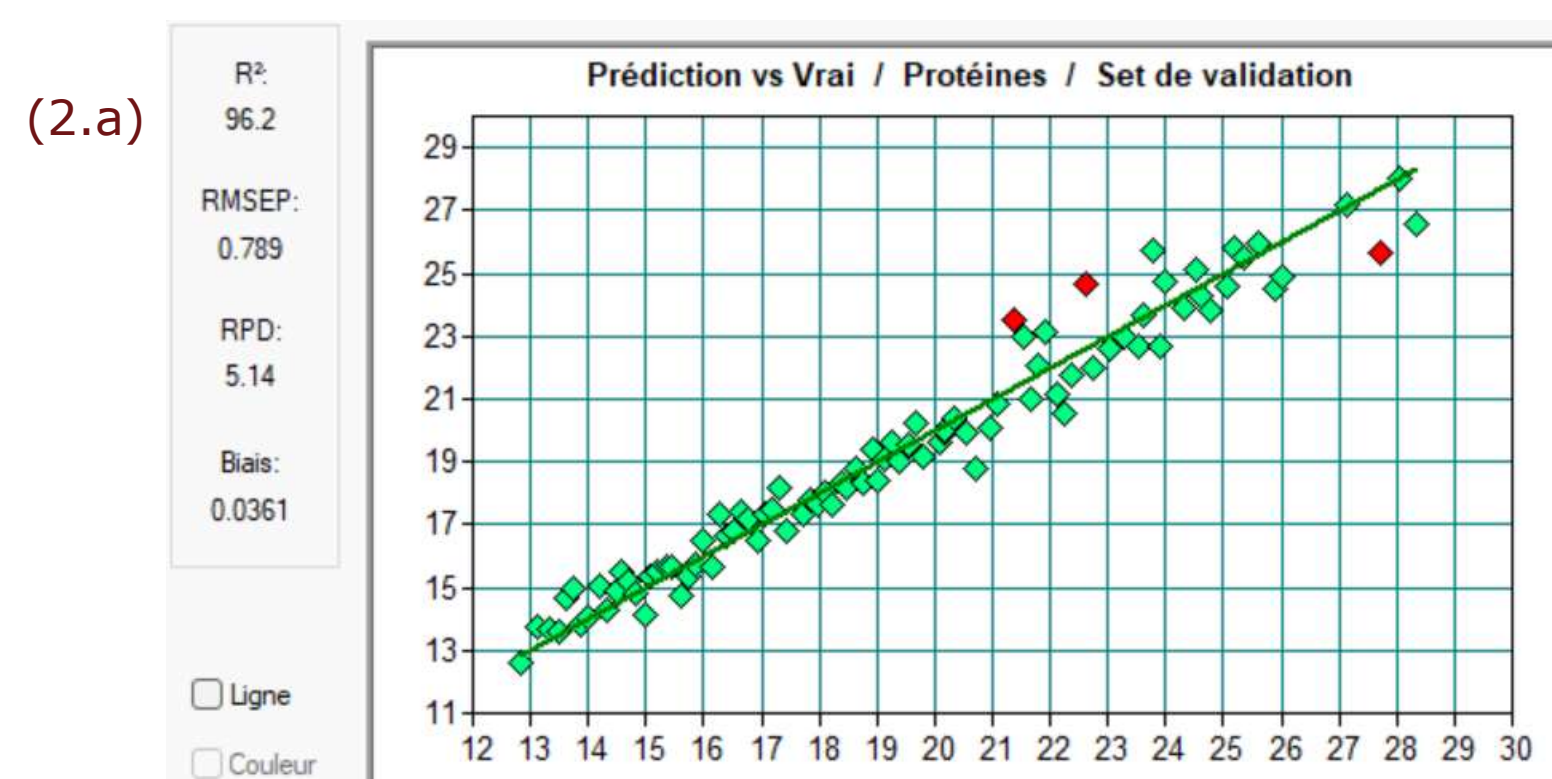
Les échantillons ont été récoltés au terme de l'année et analysés en laboratoire. La teneur en protéine a été quantifiée par méthode Dumas (selon NF EN ISO 16634-1) sur matière sèche.

Les échantillons ont été mesurés par spectroscopie proche infrarouge (NIRS) sur graine broyée dans les mêmes conditions que la méthode Dumas, ainsi que sur graine entière avec un spectromètre TANGO de Bruker (Figure 1.a). En parallèle, ils ont été analysés par résonance magnétique nucléaire (RMN) sur graine entière avec un *minispec mq10* de Bruker (Figure 1.b).

Dans chaque cas, un modèle de calibration a été développé par régression des moindres carrés partiels (PLS) avec 80% des échantillons sélectionnés aléatoirement. La performance des modèles a été évaluée sur un set d'échantillons indépendant constitué des 20% d'échantillons restants.



1. Instruments utilisés pour les scans : (1.a) Bruker TANGO pour les mesures NIRS et (1.b) Bruker minispec mq10 pour les mesures RMN



Résultats

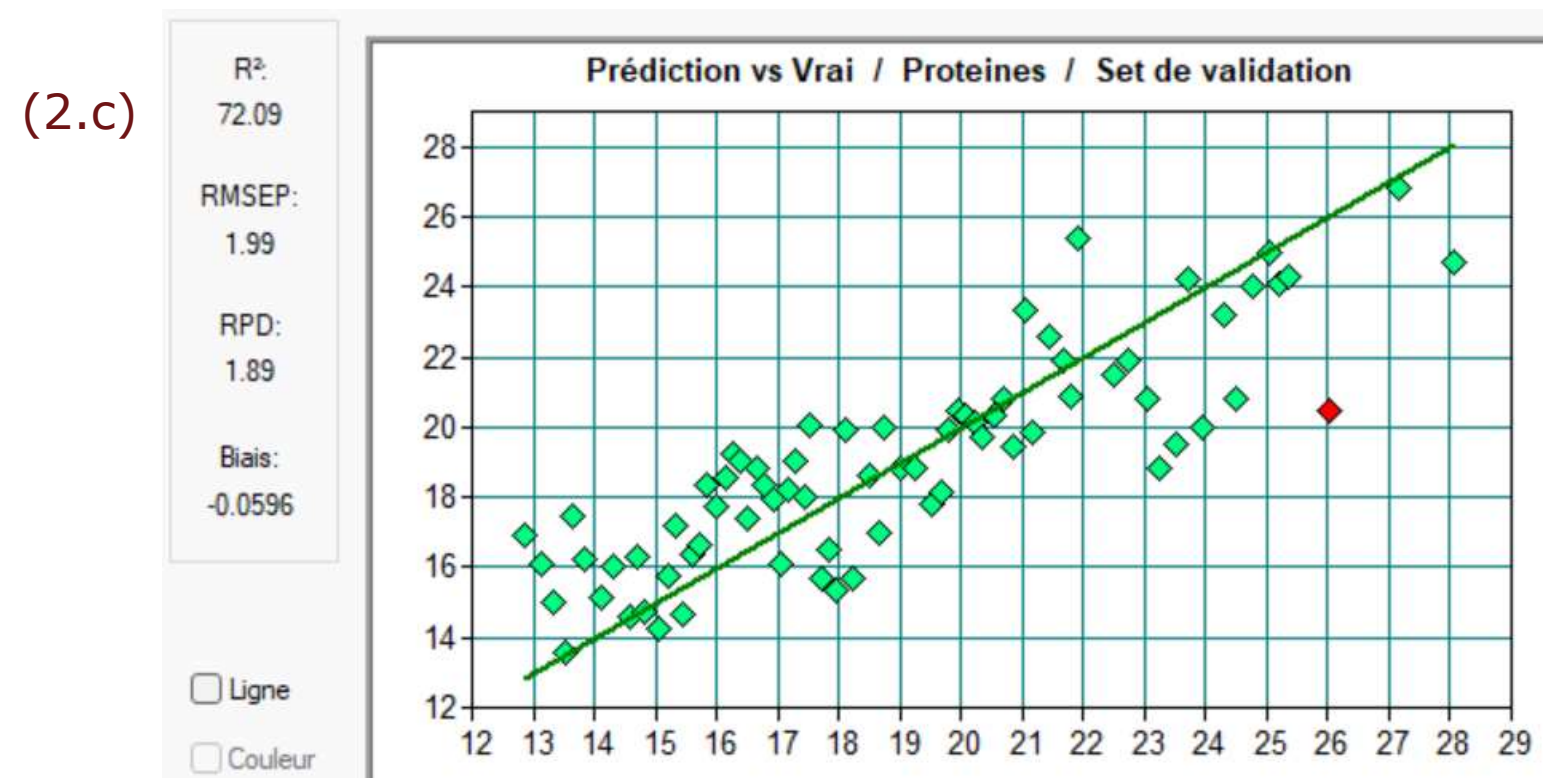
Pour chaque modèle PLS, les valeurs prédites des échantillons de validation ont été modélisées par rapport à leurs valeurs de référence en protéines sur matière sèche. Les différents graphiques obtenus sont affichés en Figure 2.

Les spectres NIRS sur graine broyée ont été prétraités par SNV et le modèle développé avec 8 facteurs.

Les spectres NIRS sur graine entière ont été prétraités par dérivée première suivie d'une SNV, et le modèle a été développé avec 9 facteurs.

Les spectres RMN sur graine entière ont été prétraités par soustraction d'une droite, et le modèle a été développé avec uniquement 1 facteur.

La performance des différentes calibrations a été évaluée avec différents indicateurs (Figure 2) : le coefficient de détermination (R²), l'erreur de prédiction (RMSEP) et le biais du modèle.



2. Graphique des prédictions vs. valeurs de référence en protéines pour : (a) le modèle NIRS sur graine broyée; (b) le modèle NIRS sur graine entière; (c) le modèle RMN sur graine entière

Conclusions

Nos travaux en chimie analytique et en chimiométrie nous ont permis de concevoir des méthodes d'analyse rapide de la teneur en protéines du tournesol sur différents instruments et avec une préparation minimale de l'échantillon (graine entière ou échantillon broyé dans les conditions de la méthode Dumas selon NF EN ISO 16634-1).

Les meilleures performances ont été obtenues avec la calibration NIRS sur graine broyée, et les moins bonnes ont été obtenues avec la calibration RMN sur graine entière. Pour s'affranchir du phénomène de diffraction du rayonnement proche infrarouge sur la coque de tournesol, le broyage de l'échantillon apparaît être une solution viable, bien qu'elle allonge le temps de préparation, tandis que l'utilisation de la RMN semble dégrader les performances.

Les trois modèles seront consolidés avec des échantillons issus d'une nouvelle année de récolte, afin de s'assurer de leur robustesse et de la fiabilité de leurs indicateurs de performance. Ces calibrations pourront par la suite être exploitées pour des diagnostics rapides de la teneur en protéine du tournesol, dans l'optique de valoriser ces cultures en produisant des tourteaux à haute teneur en protéine.