

Étude et prédiction des fractions protéiques de réserve et indices de sélection pour la qualité

Gérard BRANLARD*¹, François-Xavier OURY¹, Pierre MARTRE¹, Thierry AUSSENAC², Jean-Baptiste REGNARD³,

* **Coordinateur** : Gérard BRANLARD¹, branlard@clermont.inra.fr, Tél. : 04 73 62 43 16

1 - INRA UMR 1095 - UBP - 234 av. du Brezet, 63000 Clermont Ferrand

2 - Institut Polytechnique LaSalle Beauvais - rue Pierre Wagué, 60026 Beauvais Cedex

3 - GIE Club 5 - 83 avenue de la Grande Armée, 75782 Paris Cedex 16

► Mise en place de l'essai de 130 cultivars deux années consécutives 2004 et 2005

Le choix des cultivars fut basé sur les critères de diversité et d'origine génétique dans l'ensemble des variétés françaises récentes et dans les lignées en fin de sélection. Les caractéristiques de valeurs d'utilisation ont été prises en compte dans ce choix. Cette liste a été formée de :

- 22 cultivars (dont 12 variétés du domaine public) proposés par Benoît-Syngenta,
- 22 variétés proposées par Florimond Desprez,
- 42 cultivars (dont 11 variétés du domaine public) proposés par l'INRA,
- 22 cultivars (dont 8 variétés du domaine public) proposés par Nickerson-LVH,
- 22 cultivars (dont 11 variétés du domaine public) proposés par Sérasem.

La mise en place des essais multilocaux des 130 cultivars ; essai randomisé avec deux répétitions fut réalisé en trois lieux chaque année. Les conditions de fertilisation non excessives furent celles définies par un rendement en conventionnel avec une protection phytosanitaire. Ces lieux furent :

- en 2004 : les établissements Benoît-Syngenta (78), Sérasem (59) et l'INRA de Clermont-Ferrand (63),
- en 2005 : les établissements Florimond Desprez (59), Nickerson-LVH (28) et l'INRA de Clermont-Ferrand (63).

Chacun de ces essais fut réussi, les rendements furent proches, voire supérieurs aux témoins. Les grains nettoyés furent expédiés à l'INRA de Clermont-Ferrand pour analyses biochimiques et technologiques.

► Analyse de la diversité allélique des gluténines et des oméga-gliadines des 130 blés

La diversité allélique observée par électrophorèse monodimensionnelle (SDS- Page) sur les sous unités gluténines de haut poids moléculaire (SG-HPM) et de faible poids moléculaire (SG-FPM) s'est révélée, comme attendu, très importante. Trente et un allèles ont été au total identifiés pour les 3 loci *Glu-1* et *Glu-3*.

Glu-A1	3	a b c
Glu-B1	7	a b c d f h i
Glu-D1	4	a b c d
Glu-A3	4	a b d e f
Glu-B3	10	a b b' c c' d f g i j
Glu-D3	3	a b c

Les allèles des oméga-gliadines ont aussi été analysés et leur polymorphisme fut comparable à celui des SG-FPM auxquelles elles sont génétiquement liées.

Cette diversité des protéines de réserve et principalement celle des gluténines fut associée aux variations des caractéristiques technologiques des 130 cultivars.

► Analyse des caractéristiques technologiques

Les analyses technologiques ont été réalisées sur chacun des 130 cultivars récoltés sur les six lieux (780 échantillons).

Les tests suivants ont été effectués :

- Densité du grain PS, Poids de mille grains PMG,
- Teneur en protéines du grain (Réalisées par Near Infrared Reflectance Spectroscopy : NIRS), Dureté du grain (NIRS),
- Sédimentation SDS, Alvéographe (5 paramètres), Mixographe (11 paramètres),

Les farines obtenues ont été transmises à l'Institut Polytechnique LaSalle Beauvais pour la détermination des distributions moléculaires des protéines de réserve par AFFFF-MALLS. Ces analyses ont fourni douze autres paramètres biochimiques.

	F	F	F	R ²	H2
	Geno	Lieux (année)	Geno x Lieux	modèle	héritabilité
Rdt grain	3,17***	510,55***	0,79	0,928	0,145
Prot	13,88***	19,35***	1,26	0,969	0,368
Dur	80,29***	35,37***	1,25	0,989	0,909
PMG	8,76***	61,50***	1,36*	0,947	0,399
PS	2,15***	287,36***	0,59	0,922	0,119
SDS	26,24***	58,52***	1,36*	0,974	0,654
W	21,40***	9,10**	0,89	0,965	0,731
P	22,83***	155,62***	0,70	0,968	0,716
L	9,70***	124,98***	1,30*	0,951	0,386
P/L	9,03***	172,71***	0,86	0,941	0,499
G	8,18***	133,63***	1,09	0,945	0,380
MLV	16,20***	164,12***	0,99	0,969	0,461
MLW	16,57***	1,24	2,14***	0,968	0,434
MPT	6,08***	6,25*	0,77	0,940	0,339
MPV	19,82***	168,25***	1,11	0,974	0,464
MPW	10,36***	7,39**	1,55**	0,949	0,434
MRV	13,34***	102,64***	0,98	0,970	0,495
MRW	6,07***	31,90***	1,43*	0,943	0,365
MTxV	15,11***	194,37***	1,01	0,963	0,527
MTxW	8,10***	19,88***	1,38*	0,944	0,365
MTI	15,20***	166,01***	0,97	0,970	0,400
WS	9,40***	7,05**	2,41***	0,968	0,282
Qté Mono	10,52***	90,10***	1,02	0,961	0,334
Qté Poly	12,42***	6,86**	1,20	0,965	0,380
Qté Tot	10,67***	34,15***	1,09	0,965	0,315
Poly/mono	10,09***	202,13***	0,68	0,936	0,590
Poly/tot	10,36***	194,27***	0,71	0,937	0,593
Mn	0,15	0,22	0,19	0,540	0,008
Mw	3,62***	25,36***	1,13	0,905	0,232
Maverage	0,88	254,96***	0,72	0,924	0,008
Rw	4,46***	15,17***	0,82	0,899	0,354
Raverage	3,04***	2189,80***	1,23	0,981	0,030
Mw/Mn	3,10***	28,37***	1,21	0,894	0,189
a (conf,plot)	0,12	2,25	0,18	0,508	0,002

Le tableau ci-dessus montre que la plupart des paramètres technologiques varient, de manière très hautement significative, en fonction des lieux mais aussi et parfois

dans une moindre mesure, en fonction du génotype. Peu de paramètres révèlent une interaction G x E. L'analyse nous a permis d'estimer les composantes de la variance et ainsi de calculer l'héritabilité au sens large H². Les principaux points suivants peuvent être soulignés :

- la dureté (comme attendu) est le paramètre le plus héritable,
- les paramètres sédimentation SDS, force W et ténacité P de l'alvéographe ont une héritabilité élevée. Celle-ci se retrouve également dans plusieurs paramètres décrivant la résistance de la pâte au cours du pétrissage : MLV, MLW, MPV, MPW, MRV, MTxV. Les rapports Poly/mono et Poly/tot des quantités de protéines polymériques / protéines monomériques et / protéines de réserve ont des valeurs H² comparables. Ces résultats montrent que les caractéristiques génétiques de la pâte peuvent être prises en compte par ces paramètres et qu'elles sont fortement dépendantes du gluten et vraisemblablement de sa composition,
- plusieurs paramètres sont très fortement influencés par les conditions environnementales. Nombreux sont connus : la teneur en protéines Prot, le poids spécifique PS, l'extensibilité et le gonflement de la pâte L et G, le temps pour atteindre la consistance maximum au mixographe MPT, l'affaiblissement de la pâte au cours du pétrissage WS. Mais les quantités de protéines monomériques Qté Mono, polymériques Qté Poly et de réserve Qté Tot ont aussi une héritabilité faible.

Les valeurs de ces paramètres technologiques ont été associées à la diversité allélique des protéines de réserve, en vue d'approfondir notre connaissance des facteurs génétiques impliqués dans la valeur technologique des blés et pour calculer les indices de sélection.

► Établissement des indices de sélection basés sur la lecture allélique de la diversité des SG-HPM et SG-FPM

Ces indices font l'objet d'une publication en préparation (Oury et al., 2009). Ils ont été calculés pour l'essentiel à partir des analyses conduites sur cet essai des 130 cultivars expérimentés en six lieux en 2004 et 2005. Dans un souci d'approfondissement et de validation des relations entre la variabilité génétique des protéines de réserve et la valeur d'utilisation, d'autres essais mis en place par l'INRA ont été inclus dans cette recherche : Essais INRA interstation conduits entre 1995 et 2002 (impliquant 207 autres cultivars), et entre 2003-2005 (impliquant 100 autres cultivars). Ces essais apportent en plus des paramètres de teneur en protéines, de dureté, de sédimentation SDS, de Mixographe et d'alvéographe, les variables de la valeur boulangère appréciée soit par le test BIPEA (période 2003-2005), soit par le test CNERNA (période 1995-2002).

Les analyses confirment les effets de la diversité des SG-HPM et SG-FPM sur les variations de paramètres technologiques tels que le W, le P ou le L. L'effet des SG-HPM est souvent plus marqué que celui des SG-FPM. L'apport de la diversité des allèles des deux groupes SG-HPM et SG-FPM n'est pas strictement additif mais pour de nombreux cas il apparaît avantageux d'analyser les sous unités de haut et aussi celles de faibles poids moléculaire. En utilisant une analyse des effets par une approche de réduction des sommes des carrés d'écart à la moyenne par segmentation, l'étude montre que, pour les paramètres W, P et L, entre 32 et 60 % de ces écarts sont expliqués par les allèles aux six loci des gluténines.

La prédiction des caractéristiques de l'alvéographe obtenue par régression PLS (Partial Least Squares), principalement pour le W, est nettement améliorée lorsque sont intégrées, comme variables explicatives, la dureté et la teneur en protéines du grain. L'apport des SG-HPM et des SG-FPM permet d'augmenter le R² du W de 0,55 à 0,70. Si l'on ajoute la mesure de sédimentation du SDS alors les paramètres W, P et L sont respectivement expliqués à 0,80, 0,59 et 0,36 %. La contribution des SG-HPM et des SG-FPM dans la prédiction des variables de panification (BIPEA ou CNERNA) est plus faible : de 6 à 18 %.

Des équations de prédiction, basées sur plusieurs combinaisons de tests technologiques indirects (protéines, dureté, SDS, Mixographe) et les allèles des gluténines, ont été calculées. Le paramètre de l'extensibilité de l'alvéographe ainsi que les paramètres des panifications CNERNA et BIPEA n'ont pu être approchés par des équations satisfaisantes. Par contre les équations de prédiction du W de l'alvéographe sont apparues de bonne qualité, et les coefficients attribuables aux allèles des SG-HPM et des SG-FPM ont été calculés pour plusieurs combinaisons de tests indirects aisément praticables en sélection. Ces coefficients (ou valeur d'indice) peuvent désormais être pris en compte dans les opérations de sélection visant à améliorer le W. Ils sont composés de nouvelles valeurs d'indice des SG-HPM, auxquelles sont ajoutées désormais les valeurs des allèles observés aux loci Glu-3.

► Dosage des fractions protéiques (gliadines et gluténines) et mesure des paramètres d'absorbance NIRS

Comme proposé dans le projet de recherche, l'INRA de Clermont-Ferrand a extrait les fractions gliadines et gluténines des 130 cultivars récoltés en 2004 sur son domaine expérimental. L'extraction manuelle bien que quasi exhaustive, par rapport au fractionnement automatique par HPLC, n'a pas offert une reproductibilité excellente des pourcentages de gliadines et gluténines (CV voisin de 12 %). En conséquences les prédictions par NIRS, des valeurs de références ainsi obtenues, ont abouti à des coefficients d'explication R² de l'ordre 0,58 (n=130) par la mesure de l'absorbance sur les moutures complètes. L'analyse de prédiction des fractions n'a donc pas été poursuivie en prenant ce mode de fractionnement pour obtenir les valeurs de référence. L'approche de modélisation des fractions protéiques du grain, présentée ci-dessous page 71, utilise le dosage HPLC pour mesurer de manière satisfaisante les variations de ces fractions.

► Calcul des équations de prédiction NIRS

Les échantillons des 130 cultivars, récoltés en 2004 et 2005 dans les trois lieux d'expérimentation, ont été analysés par NIRS. Chaque échantillon fut analysé, soit sous forme de mouture complète obtenue au moulin Cyclotec, soit sous forme de grain entier. Les échantillons ont été scannés tous les 2 nm entre 400 et 2500 nm. Les valeurs d'absorbance correspondantes furent utilisées comme variables explicatives dans le but de prédire les caractéristiques de composition (teneur en protéines) des paramètres physiques du grain (PMG, PS, dureté) ou technologiques mesurées sur la farine (SDS, 4 paramètres donnés par l'alvéographe et 3 du mixographe). Les équations de calibration aux valeurs de référence ont été recherchées par la méthode PLS modifiée. Les équations ont été recherchées, par lieu, et en prenant les valeurs obtenues dans les autres lieux pour la validation croisée.

Le tableau ci-dessous donne les paramètres statistiques des variables prédites qui ont été retenues pour les échantillons analysés sous forme de mouture complète.

Paramètres	Moy	Min	Max	R ²	SEC	SECV
Mouture complète						
Protéines	11,81	9,5	15	0,993	0,08	0,16
Dureté	51,4	5,9	93,7	0,98	3,16	4,89
SDS	45,6	23	76	0,84	3,8	4,71
W	185,3	74	388	0,846	26,11	34,25
P	66,2	25	111	0,708	10,49	10,8
L	96,7	36	167	0,483	19,6	21,4
MPV	36,6	24,4	47,9	0,728	2,36	2,61
MTI	231,6	171,3	330,4	0,861	11,49	18,5

Pour les variables de ce tableau, on relève, qu'en plus de la teneur en protéines et la dureté, qui sont classiquement prédites par la mesure NIRS, il semble possible d'avoir une estimation des variables technologiques SDS, W, P, MPV, MTI et dans une moindre mesure du L de l'alvéographe. Les variables physiques du grain PMG, PS, technologiques P/L de l'alvéographe et MPT du mixographe n'ont pu être approchées par la mesure NIRS sur mouture complète (Figure 1 et 2).

Les équations de calibration obtenues sur les données de ce programme FSOV ont pour certains paramètres été

améliorées en intégrant des valeurs de référence obtenues sur d'autres matériels issus d'expérimentation INRA. Elles peuvent être dès maintenant utilisées par les membres du GIE Club 5 qui, de leur côté, peuvent chaque année tenter de les rendre plus précises en introduisant des valeurs de référence observées sur d'autres génotypes pouvant apporter des valeurs plus étendues.

Sur grain entier, les équations de prédiction sont nettement moins performantes (tableau ci-dessous). D'une part parce que les mesures ont été réalisées par réflectance (appareil NIRS 6500) et non par transmittance et surtout parce que la cellule de mesure (mini coupelle) n'offre qu'un volume réduit, laissant ainsi une possible hétérogénéité dans le remplissage de son contenu. Plusieurs variables peuvent néanmoins être approchées par la mesure, dans une mini coupelle, qui nécessite seulement 5 grammes de grains.

Paramètres	Moy	Min	Max	R ²	SEC	SECV
Grain entier						
Protéines	11,77	9,5	14,5	0,862	0,36	0,44
Dureté	51,7	3,2	93,4	0,776	11,18	15,46
PS	83,3	78	85	0,801	0,65	0,98
SDS	51,9	27	75	0,665	5,17	6,59
W	236,2	88	563	0,754	40,1	63,4

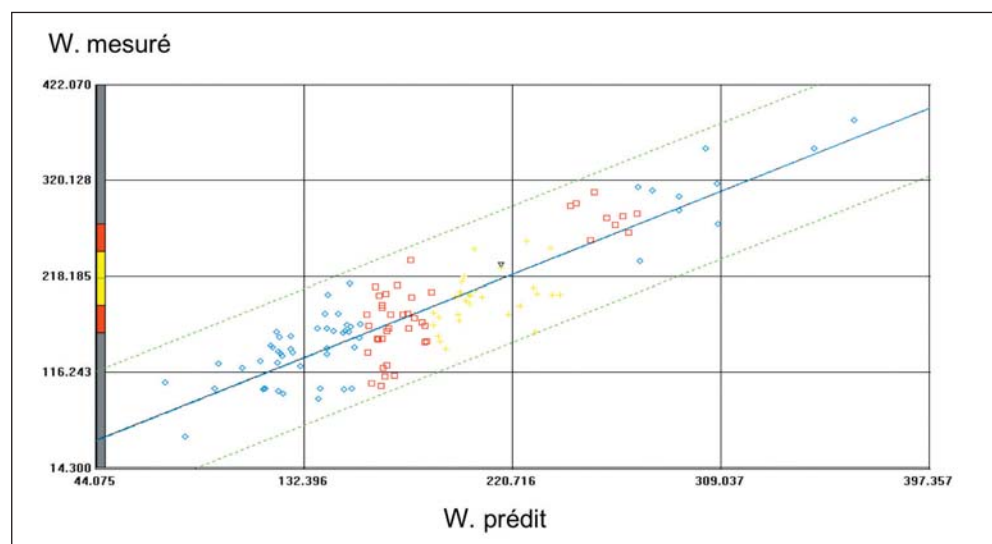


Figure 1 : Prédiction de la variable W par NIRS sur mouture complète

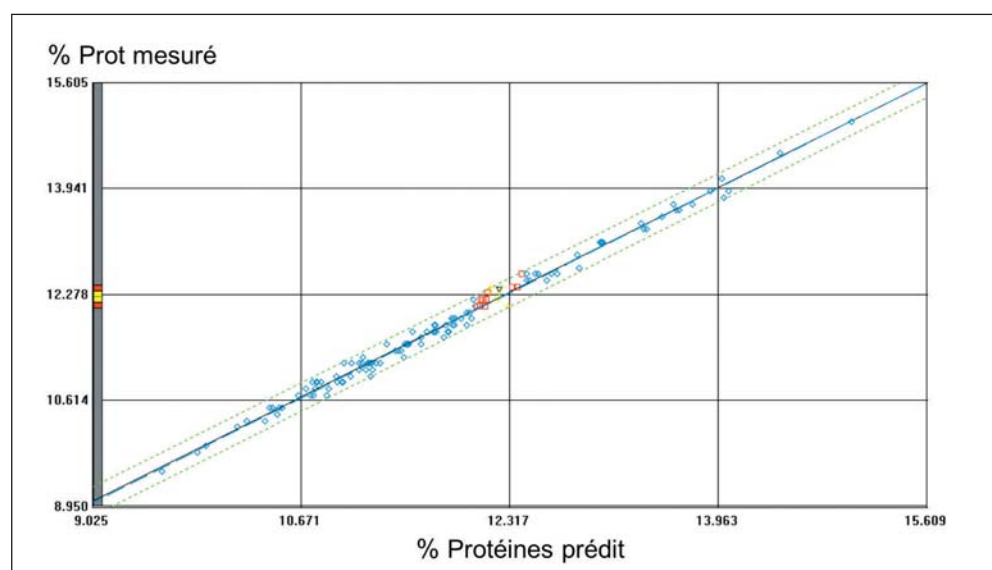


Figure 2 : Prédiction de la variable % protéines par NIRS sur mouture complète

A titre d'illustration, est présentée sur la figure 3 la variable poids spécifique (PS) prédite à partir de la mesure NIRS sur grain entier.

► Principaux résultats acquis dans le domaine de la modélisation des fractions prodüiques du grain

Mise en place de traitements spécifiques (nutrition azotée, stress thermique) sur quatre géotypes bien déterminés montrant des différences potentielles dans leur aptitude à accumuler les protéines de réserve. Dosage de ces fractions par HPLC et suivi des cinétiques d'accumulation des constituants protéiques par analyse protéomique des fractions protéines solubles et protéines de réserve.

Ce travail de recherche a plus particulièrement été développé par Pierre Martre (Equipe Agro-physiologie des Plantes Annuelles Cultivées, APAC, Inra Clermont-Ferrand). Sont présentés ci-dessous les principaux résultats acquis dans le domaine de la modélisation des fractions protéiques du grain au cours de la première année et le début de la seconde année.

Nous avons mis en évidence des relations allométriques entre la quantité des fractions protéiques (albumines-globulines, amphiphiles, gliadines et gluténines) et la quantité d'azote total par grain pour la variété Thésée. Les paramètres de ces relations sont stables et indépendants des conditions de l'environnement, ce qui nous a permis de développer des hypothèses simples d'allocation des protéines du grain au cours de sa formation. Ces relations ont été formulées sous la forme d'un modèle dynamique d'accumulation de l'azote total et des fractions protéiques du grain, *SiriusQuality*, dont les variables d'entrée sont la température, les précipitations et le rayonnement.

L'objectif était d'aborder la variabilité génétique des paramètres d'allométrie entre les quantités des fractions protéiques et la quantité d'azote total du grain, qui sont à la base du modèle *SiriusQuality*. Au cours de la première année, nous avons étudié quatre cultivars de blé tendre d'hiver (Arche, Réctal, Renan et Tamaro), contrastés pour leur rendement et leur teneur en protéines, et qui présentent une forte interaction entre ces deux variables. Ces quatre variétés ont été cultivées au champ avec des niveaux de fertilisation azotée pré et post-floraison contrastés. Pour le traitement non limitant en azote, deux rapports source-puits (charge en grain) ont été créés à la floraison en supprimant les grains de la moitié supérieure des épis. Les effets de températures de jour élevées (moyenne de

28 °C, comparée à 19 °C) et d'un déficit hydrique (15 % de l'évapotranspiration réelle, comparé à 100 %) au cours de la période post-floraison ont également été étudiés en conditions semi contrôlées sous éclairage naturel.

Les traitements appliqués ont induit de très fortes variations de la teneur en protéines et de la composition en protéines des grains. Environ 90 % des variations observées de composition en protéines sont expliquées par la quantité d'azote par grain, et le modèle *SiriusQuality* permet de rendre compte du comportement des quatre variétés dans l'ensemble des conditions environnementales testées. Afin de vérifier si toutes les sous-unités des gluténines et les fractions gliadines sont quantitativement régulées de la même manière par la quantité d'azote total par grain nous avons entrepris l'analyse de la composition de ces fractions par RP-HPLC. Ce travail nous a permis d'aborder la prédiction des cinétiques d'accumulation des différentes sous-unités et fractions des protéines de réserve.

► Analyse protéomique sur la variété Arche

Cette variété a été cultivée en conditions contrôlées et, après anthèse, un traitement thermique a été appliqué sur les plantes : 23 °C le jour / 11 °C la nuit pour les témoins T et 28 °C / 15 °C pour les stressés S. Au cours de l'accumulation des réserves et la maturation, les grains ont été récoltés à 7 stades différents pour les 2 traitements : de 163 °J jusqu'à maturité 778 °J. Les échantillons T1 à T7 et S1 à S7 ont donc été analysés (2 extractions x 3 répétitions x 7 stades x 2 modalités S ou T) par électrophorèse bidimensionnelle suivie d'une analyse d'image des 84 gels obtenus (Figure 4 page 72). Les protéines spécifiques à chacun des stades ont été caractérisées sur les différentes images. A chaque stade les images ont été comparées.

De même les images ont été comparées entre chacun des stades. Ainsi la comparaison entre les stades 6 et 7 montrent que 263 protéines avaient leur volume significativement différent entre ces deux stades pour le témoin contre 343 dans les grains d'Arche stressé. De grandes différences subsistaient à maturité entre les grains d'Arche témoin et stressé.

En plus des variations de volume des spots, qui ont été analysées, les principaux spots caractéristiques des protéines de réserves (Gliadines α , β , γ et ω), SG-HPM et SG-FPM ont été identifiés sur ces gels d'électrophorèse. Leurs variations quantitatives au cours de la formation du grain et l'accumulation des réserves ont été suivies et

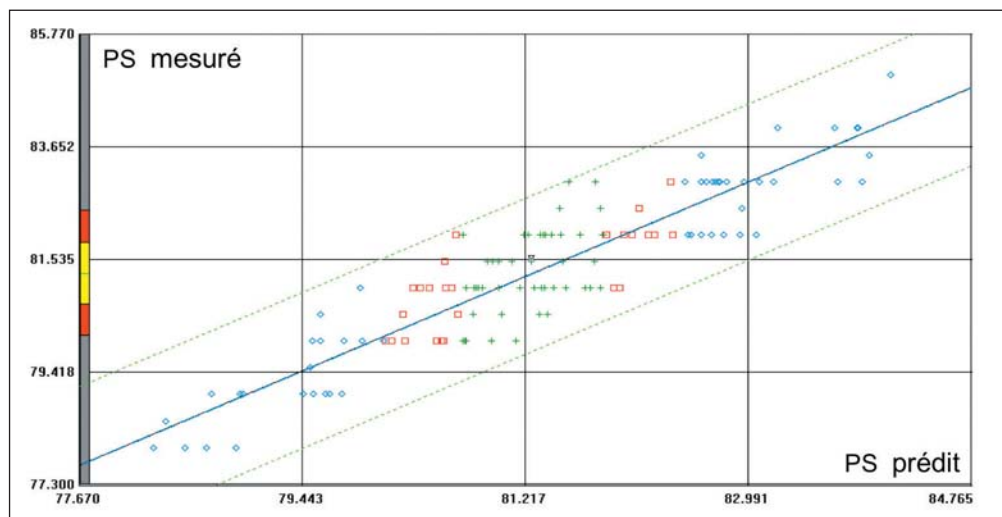


Figure 3 : Prédiction de la densité du grain par la mesure NIRS sur grain entier

l'influence de la différence de température appréciée. D'une manière générale, on constate que l'effet de la température (+5 °C diurne / +4 °C nocturne) se traduit par une diminution de la quantité de protéines de réserve par grain. Ce sont principalement les gliadines qui présentent une diminution par rapport au témoin. Les SG-HPM, bien que diminuées, continuent à s'accumuler encore à cette température de 28 °C. Notons enfin que de nombreuses protéines sont apparues induites à plusieurs stades chez le stressé.

L'identification de ces protéines par spectrométrie de masse nous permet (1) d'avancer des hypothèses sur les mécanismes impliqués dans l'accumulation des réserves dans des conditions de température plus élevées que la normale (2) de rechercher des variants génétiques pouvant répondre différemment à des températures élevées.

► Analyses sur les polymères des protéines et statut Redox

L'Institut LaSalle Beauvais a eu pour objectif (1) de caractériser les distributions moléculaires des protéines de réserve de la collection des 130 génotypes récoltés sur les 6 lieux au cours des deux années d'expérimentation et notamment d'examiner l'incidence de la distribution des allèles sur la taille des polymères (Figure 5) ; (2) d'analyser le statut Redox des protéines de réserve de cette même collection en relation avec les données de distribution moléculaire. Dans le cadre de ce programme de recherche, le travail de caractérisation des différentes formes de glutathion dans les farines a été

mené grâce à la mise au point d'une nouvelle méthodologie analytique fondée sur l'utilisation d'un couplage HPLC-Spectroscopie de fluorescence.

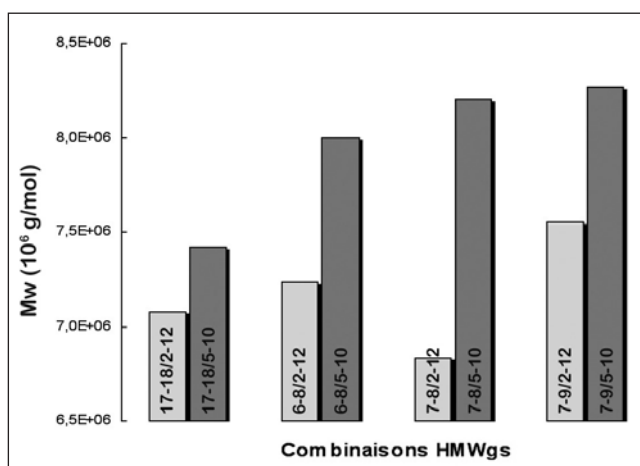


Figure 5 : Variation de la masse moléculaire moyenne en masse (M_w) des polymères gluténiques en fonction de la nature des HMWgs présentes aux locus *GluB1* et *GluD1*.

Bien que l'influence du milieu soit importante sur la quantité de protéines et de polymères protéiques liés au glutathion, des différences génétiques ont cependant été observées.

Les résultats obtenus tendent à démontrer que les aptitudes technologiques des farines peuvent être reliées

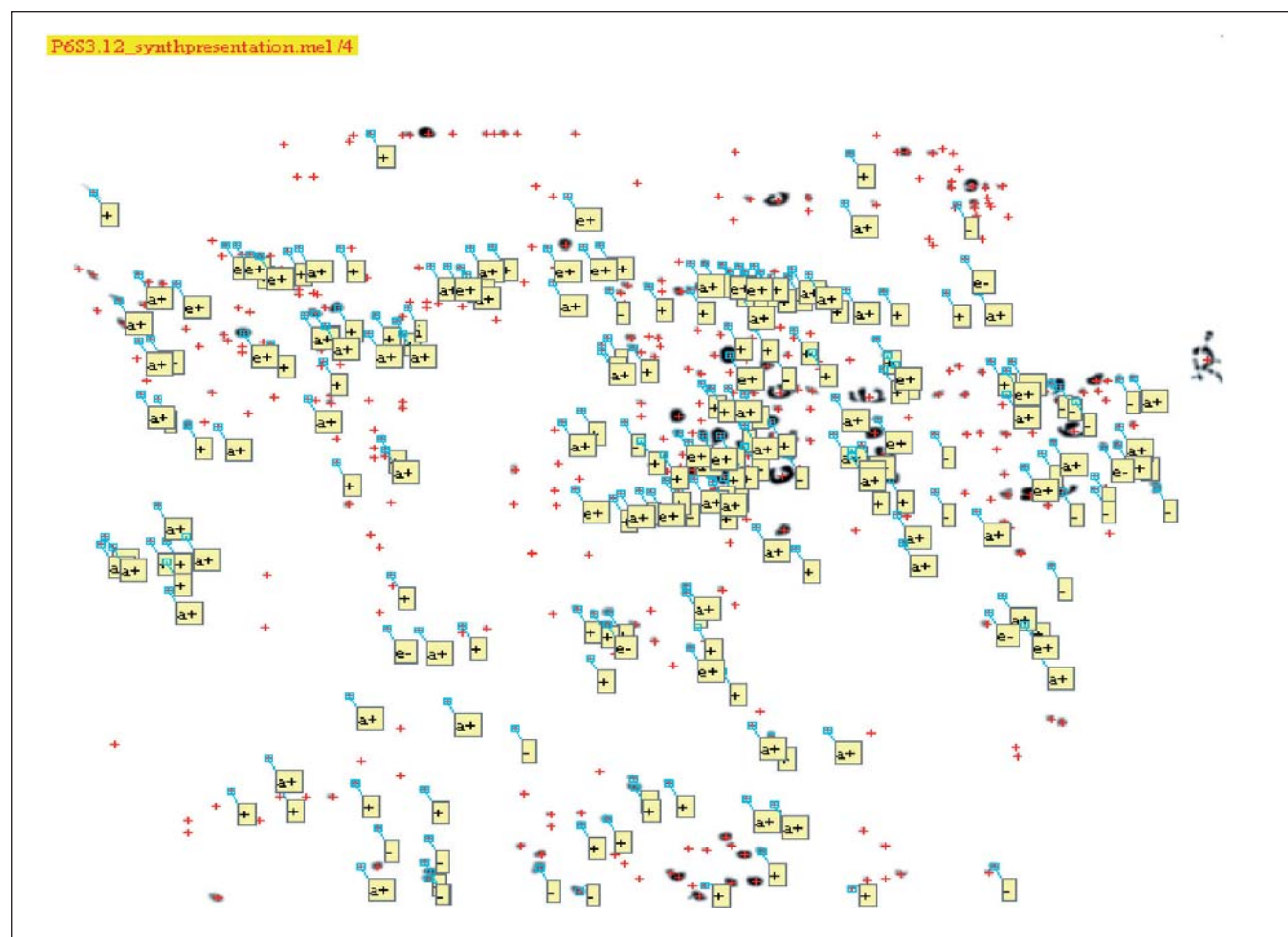


Figure 4 : Electrophorèse 2D des protéines de l'albumen du grain de blé de la variété Arche au stade 6 : 646°J pour le témoin T et 640°J pour le stressé S. Les spots ayant un volume significativement augmenté ou diminué entre S et T sont indiqués [+] ou [-].

à la distribution des masses moléculaires (DMM) des protéines de réserve. Des masses moléculaires critiques M_{wc} ont été mises en évidence et peuvent être associées à différentes propriétés rhéologiques de la pâte. Cette M_{wc} est la limite inférieure de DMM en deçà de laquelle la relation statistique avec la variable estimée décroît. Le glutathion limite la quantité de polymères protéiques et une relation caractéristique du génotype a été mise en évidence entre ces variables.

► Conclusion

Le programme FSOV s'est appuyé sur une expérimentation multi-locale qui s'est déroulée sur 2 années. Les six essais ont été réussis et ont fourni, grâce aux choix opérés par les sélectionneurs une variation de composition protéique et de qualité des grains tout à fait représentative des potentiels actuels. Les prédictions NIRS ont permis d'aboutir à douze équations de prédictions (7 sur mouture complète et 5 sur grain entier) qui ont été transmises aux sélectionneurs du GIE Club 5. La gamme de variation, de quelques autres équations, mérite d'être amplifiée. Un des objectifs majeurs de ce projet était d'aboutir à des indices de valeur d'utilisation basés sur la lecture génétique des SG-HPM et des SG-FPM. Cet objectif a été atteint et les

coefficients propres aux différents allèles ont été également transmis. Ces coefficients vont rendre possible des progrès en sélection pour la qualité rhéologique du blé. Rappelons que les indices à disposition des sélectionneurs dataient de 1991 et s'appuyaient sur la lecture seule des SG-HPM. Leur association avec quelques variables technologiques importantes permet d'aboutir pour la première fois à un niveau de prédiction remarquable de la force de la pâte. Les travaux sur la simulation des proportions des protéines de réserve, gliadines et gluténines ont aussi bien avancé. Les améliorations apportées au modèle *SiriusQualité* permettent d'approcher le comportement variétal dans différentes conditions environnementales afin de prédire les cinétiques d'accumulation des fractions des protéines de réserve. Enfin notons les avancées sur l'analyse des bases macromoléculaires des relations ci-dessus observées entre le gluten et les tests technologiques. La connaissance de la distribution des masses moléculaires des protéines de réserve apparaît indispensable pour comprendre le lien entre la diversité de celles-ci et les propriétés technologiques.

La qualité et l'originalité de ces résultats vont permettre aux chercheurs de préparer plusieurs publications.

Références bibliographiques

Oury F.X., Chiron H., Faye A., Gardet O., Giraud A., Heumez E., Rolland B., Rousset M., Trottet M., Charmet G., Branlard G. The prediction of bread wheat quality: joint use of the

phenotypic information brought by technological tests and the genetic information brought by HMW and LMW glutenin subunits (soumis).