



UNIVERSITE CHOUAIB DOUKKALI

Faculté des sciences EL Jadida

Département de Biologie

Master spécialisé

« Biotechnologie Appliquée à la Production Végétale et industrie Agroalimentaire »

Promotion 6 : 2017-2019



Mémoire de Master spécialisé intitulé :

Evaluation de la qualité nutritionnelle des germoplasmes d'orges d'hiver, pour l'alimentation humaine et la qualité des paramètres technologiques pour le maltage.

Encadré par :

Dr. Andrea VISIONI

Pr. Fatima EL OTMANI

Réalisé par :

Jean Raymond AFFRICOT

Soutenu le : 29 /10/2019 devant le Jury composé de :

Pr. RIFAI A.	Professeur à la Faculté Des Sciences El Jadida	Présidente
Pr. BELFAIZA M.	Professeur à la Faculté Des Sciences El Jadida	Examinatrice
Pr. EL OTMANI F.	Professeur à la Faculté Des Sciences El Jadida	Encadrante interne
Dr. VISIONI A.	Chercheur associé à l'ICARDA-Maroc	Encadrant Externe

REMERCIEMENTS

Au terme de ce travail, nous tenons à remercier tout particulièrement **Dr Andrea VISIONI**, chercheur associé à l'ICARDA, spécialiste d'amélioration génétique d'orge de m'avoir accueilli au sein de son unité de recherche et m'intégrer dans son programme d'amélioration génétique d'Orge d'hiver pour avoir encadré et dirigé ce travail avec une générosité hors-pair de partage de savoirs scientifiques. Je le remercie pour sa disponibilité, sa rigueur, sa confiance et sa sympathie envers moi.

Rares, sont mes mots pour exprimer ma gratitude inconditionnelle envers **Mr Adil ELBAOUCHI**, assistant de recherche au sein du Laboratoire de Qualité des Céréales et des Légumineuses. Il a quotidiennement participé à l'encadrement de ce travail, je le remercie pour sa disponibilité, sa constante volonté de partager son savoir faire, sa rigueur, sa gentillesse et d'avoir mis à ma disposition tout le matériel nécessaire pour réaliser ce travail, j'en suis reconnaissant.

Je remercie sincèrement Monsieur le coordinateur du Master Biotechnologie Appliquée à la Production Végétale et Industrie Agroalimentaire, **Pr. Tayeb KOUSSA**, Chef du Département de Biologie, Professeur à la Faculté des Sciences El Jadida, pour avoir accepté mon inscription au sein de cette formation, pour sa générosité et les nombreuses facilités qu'il n'a cessé de nous accorder, ainsi que pour son soutien pour l'accomplissement de ce travail.

J'exprime ma gratitude et mes sincères remerciements à mon Encadrante interne **Pr. Fatima EL OTMANI**, Professeur chercheuse à la Faculté Des Sciences El-Jadida.

J'exprime mes remerciements aux **Membres du Jury**, pour avoir accepté de juger ce travail.

Mes sincères remerciements vont aussi à **Mr. Adil MOUKALAT**, responsable de la banque de gènes de l'ICARDA.

Mes mots de remerciements vont également à Mes **très chers parents et Ing Roger AFFRICOT** pour leur soutien inconditionnel, leur confiance et leurs conseils. Vous m'avez donné un magnifique modèle de labeur et de persévérance. Mes remerciements vont à tous ceux qui m'ont aidé de près ou de loin, chacun à manière, à accomplir ce travail spécialement : **Mr Outmane BOUHLAL** Doctorant à l'ICARDA, **Yassin BOUHOUC**.

AVANT PROPOS

Ce stage s'inscrit dans le cadre du projet de fin d'étude pour l'obtention du diplôme cycle Master **Biotechnologie Appliquée à la Production Végétale et industrie Agroalimentaire (BAVIA)**, effectué sein du **Centre International pour la Recherche Agricole dans les Régions Arides, en anglais International Center for Agricultural Research in the Dry Areas (ICARDA)**.

C'est au niveau du Laboratoire de Qualité des Céréales et des Légumineuses que nous avons effectué notre stage.

Ce stage permet d'approfondir les connaissances théoriques et pratiques acquises en cours et par la même occasion acquérir de l'expérience et les compétences requises pour faciliter l'insertion dans le monde du travail, mais également poursuivre les études doctorales.

L'ICARDA a pour mission de fournir des solutions scientifiques innovantes pour améliorer les moyens de subsistance des couches pauvres en ressources dans les régions arides. D'où son slogan « **La science pour des moyens de subsistance résilients dans les régions arides** ».



Le Siège Social de l'ICARDA auparavant situé en Syrie a été déplacé en 2012 à Beyrouth, au Liban en raison des remous (crise socio-politique) dans ce pays d'accueil.

L'ICARDA a un mandat mondial pour le développement des cultures d'orge, de lentilles, de fèves et assiste les zones sèches non tropicales pour améliorer l'efficacité de l'utilisation de l'eau dans l'agriculture, les pâturages et la production de petits ruminants.

Dans la région du Moyen- Orient, de l'Afrique du Nord et en Asie centrale, l'ICARDA contribue à l'amélioration du blé et du pois chiche, des légumineuses de pâturages et fourragères et des systèmes d'exploitation associés. Il travaille également sur des sujets liés à la gestion des terres, la diversification des systèmes de production et les chaînes de valeur pour les produits végétaux et animaux issus du secteur.

Sources (<https://www.icarda.org>)

L'ICARDA dispose d'une banque de gènes qui contient plus de 151 000 accessions provenant de plus de 110 pays: Si un pays se retrouve dans une forme de « déficit » agricole, le Centre sera en mesure de lui fournir des graines afin de restaurer et réhabiliter son agriculture.

Au Maroc, l'ICARDA possède ses propres locaux au sein de l'INRA-Rabat, de même que des serres. Elle dispose également d'une station expérimentale à Séfrou (ANNOCEUR) pour les essais d'hiver. Au sein de l'ICARDA-Rabat, on distingue une banque de gènes, une chambre hydroponique et plusieurs laboratoires dont :

- le Laboratoire de Qualité des Céréales et des Légumineuses
- le Laboratoire de Rhizobium
- le Laboratoire de Virologie
- le Laboratoire de Phytopathologie
- le Laboratoire de Physiologie
- le Laboratoire d'Entomologie
- le Laboratoire de Génétique
- le Laboratoire de Santé des semences

Résumé

Les variétés d'orges ont connu des années de sélection naturelle et paysanne massives vue ses traits d'intérêts particuliers (denrées alimentaires, aliments pour animaux ou malt) sans qu'il n'y ait d'antécédents scientifiques. De nos jours, l'intérêt pour l'orge est encore plus poussé et les avancées scientifiques permettent de mieux appréhender la sélection des variétés d'orges ainsi que leurs améliorations génétiques pour des caractères désirés, pour l'alimentation ou pour la brasserie au cours de cette étude. La performance, la qualité nutritionnelle de 65 génotypes de deux essais différents provenant du programme d'orge d'hiver (*Hordeum vulgare* L.), de la station d'expérimentation de l'ICARDA du Maroc Annaceur (Séfrou) ont été évalués, L'orge a été maltée, puis la qualité du malt a été analysée. La caractérisation de la qualité nutritionnelle a révélé des variations hautement significatives pour la teneur en amidon et en protéine au sein de la collection de l'essai n°2. Cependant la différence a été non significative pour la teneur en bêta-glucane des deux essais et les concentrations trouvées sont en dessous de 3g/100g de matières sèches. La différence a été hautement significatif poids de 1000 grains, et a fourni une bonne indication du rendement potentiel en extrait de malt. Les échantillons d'orges ont été bien modifiés au cours du maltage. Une très forte corrélation positive et significative a été mis en évidence entre le FAN (Acides aminés libres du malt) et le rendement en extrait de malt ($r=1^{**}$). De même, des corrélations positives et très significatives ($r=0,728^{**}$, $r=0,672^{**}$ et $r=0,470^{**}$) ont été trouvées respectivement entre le FAN et la teneur en amidon, les protéines solubles du malt et la teneur en protéine de l'orge, la friabilité du malt et la teneur en amidon. Des corrélations négatives et très significatives ($r=-0,830^{**}$, $r=-0,718^{**}$) ont été trouvées respectivement entre teneur en amidon et protéines, rendement en extrait de malt et la teneur en protéine et enfin une corrélation négative et significative ($r=-0,383^*$ entre l'activité alpha-amylasique et la teneur en bêta-glucane. Le résultat du criblage phénotypique, a montré que les accessions sont majoritairement résistantes à la tâche réticulée de l'orge (*Pyrenophora teres f. teres*).

Mots clés : *Hordeum vulgare* L., *Pyrenophora teres f. teres*, amélioration génétique, banque de gènes, population locale, lignée d'élite, qualité nutritionnelle, maltage, paramètres technologiques du malt.

Abstract

Barley varieties have undergone years of massive natural and peasant selection due to their particular characteristics (food, feed or malt) without any scientific background. Nowadays, interest in barley is even more intense and scientific advances make it possible to better understand the selection of barley varieties and their genetic improvements for desired traits, for food or for brewing during this study. The performance and nutritional quality of 65 genotypes from two different trials from the winter barley program (*Hordeum vulgare* L.), the ICARDA test station in Morocco Annaceur (Séfrout) were evaluated, the barley was malted, and the malt quality was analyzed. The characterization of nutritional quality revealed highly significant variations in starch and protein content within the collection of Trial 2. However, the difference was not significant for the beta-glucan content of the two tests and the concentrations found are below 3g/100g of dry matter. The difference was highly significant weight of 1000 grains, and provided a good indication of the potential yield of malt extract. The barley samples were well modified during malting. A very strong positive and significant correlation was found between FAN (Free Amino Acids of Malt) and malt extract yield ($r=1^{**}$). Similarly, positive and very significant correlations ($r=0.728^{**}$, $r=0.672^{**}$ and $r=0.470^{**}$) were found between FAN and starch content, soluble malt proteins and protein content in barley, malt friability and starch content respectively. Negative and very significant correlations ($r=-0.830^{**}$, $r=-0.718^{**}$) were found between starch and protein content, malt extract yield and protein content respectively and finally a negative and significant correlation ($r=-0.383^{*}$ between alpha-amylase activity and beta-glucan content. The result of phenotypic screening showed that the accessions are mostly resistant to the reticulated stain of barley (*Pyrenophora teres* f. *teres*).

Keywords: *Hordeum vulgare* L., *Pyrenophora teres* f. *teres*, genetic improvement, gene bank, local population, elite lineage, nutritional quality, malting, malt technology parameters.

Liste Des Abréviations

AA	Activité Alpha-amylasique
ACP	Analyses en Composantes Principales
AMD	Amidon
ANOVA	Analysis of Variance
BG	Bêta-Glucane
CIMMYT	International Maize and Wheat Improvement Center
EDM	Extrait De Malt
EBC	European Brewery Convention
FAO	Food and Agriculture Organization
FAN	Free Amino Nitrogen
FRI	Friabilité
EG	Energie Germinative
ICARDA	International Center for Agricultural Research in the Dry Areas
INRA	Institut Nationale de Recherche Agronomique
NIR	Near Infrared Spectroscopy
NSGC	National Society of Genetic Counselors
PGRC	Plant Gene Resources of Canada
PMG	Poids de Mille Grains
PROTSDM	Protéines Solubles Du Malt
PROT	Protéine
QTL	Quantitative Trait Loci
RDAGB	Genetic Resources Division, Institute of Agricultural Biotechnology
USDA	United States Department of Agriculture
SSRs	Simple Sequence Repeats
VLB	Versuchs- und Lehranstalt für Brauerei

Liste Des Figures

Figure 1. Part de la production d'orge par région (FAOSTAT, 2017)	5
Figure 2. Dix principaux producteurs d'orge au Monde (FAOSTAT, 2017)	6
Figure 3. Evolution de la production mondiale d'orge (FAOSTAT, 2017).....	7
Figure 4. Production Marocaine d'orge (FAOSTAT, 2017)	7
Figure 5.Importation d'orge au Maroc (FAOSTAT, 2016)	8
Figure 6. Évaluations du commerce mondial d'orge et des produits d'orge (FAOSTAT, 2019)	9
Figure 7. Première zone de domestication de l'orge, le croissant fertile (Zeng et al, 2018).....	11
Figure 8. L'orge à deux rangs (a) et l'orge à six rangs (b) (Ulrich, 2002)	12
Figure 9.Coupe longitudinale du grain d'orge (Société Malteurop, 2000), cité par (Hugo, 2017)	12
Figure 10. De gauche à droite, l'orge recouvert et orge nu (Newman & Newman, 2008)	13
Figure 11. Structure schématique du β -glucane (Newman & Newman, 2008)	19
Figure 12. Structure des granules d'amidon d'orge. L'amidon de l'orge se compose de grands granules en formes de disques (granule A), et un plus petit, proche-sphérique (granule B). (Shewry & Ullrich, 2014).....	20
Figure 13. Cartes tricolores de distributions des minéraux du grain d'orge, déterminés par rayon X. A : Fe (rouge), Cu (vert) et Zn (bleu). B : K (rouge), Ca (vert), et manganèse (bleu). (Shewry & Ullrich, 2014).....	23
Figure 14. Enzymes clés du maltage (Briggs & Boulton, 2004)	23
Figure 15. Structure d'un grain d'orge en germination et les processus biochimiques qui se produisent au cours (Ajib, 2018)	26
Figure 16. Cycle de vie de <i>Pyrenophora teres f. teres</i> et <i>P. teres f. maculata</i> (Liu et al, 2011) ...	28
Figure 17. Echantillon d'orge analysé par le logiciel 'Grainscan'	31
Figure 18. Spectre électromagnétique	32
Figure 19. Granomat Pfeuffer, détermination du poids à l'hectolitre des génotypes	33
Figure 20. Systèmes FOSS Infratec du proche infrarouge	34
Figure 21. Appareil de mesure de la teneur en protéine par spectroscopie proche infrarouge (NIRS).	35

Figure 22. Système automatisé SKALAR.....	36
Figure 23. Echantillon d'orge tamisé, dans un tamiseur électrique de type Sortimat	37
Figure 24. Protocole de touraillage utilisé.....	37
Figure 25. Système automatique de micro-maltage.....	38
Figure 26. Containers des échantillons d'orge germés après 72 heures	38
Figure 27. Friabilimètre Pfeuffer	39
Figure 28. Échelle d'évaluation de la maladie de la tache réticulée sous forme de taches localisées. (R = Résistante ; MR = Modérément Résistante ; MS = Modérément sensible ; S = Sensible	41
Figure 29. Matériel végétal et le protocole utilisé.....	42
Figure 30. Poids de 1000 grains des génotypes	45
Figure 31. Poids à l'hectolitre des génotypes	46
Figure 32. Aires du grain des différents génotypes	47
Figure 33. Capacité germinative des génotypes	47
Figure 34. Teneur en amidon des génotypes	48
Figure 35. Teneur en amidon.....	49
Figure 36. Teneur en β -glucanes des génotypes	50
Figure 37. Friabilité du malt	51
Figure 38. Rendement en extrait de malt des génotypes.....	52
Figure 39. Activité alpha-amylasique des malts	53
Figure 40. Teneur en acides aminés libres des génotypes.....	53
Figure 41. Evolution de la teneur en β -glucane avant et après germination	54
Figure 42 . Résultat du criblage phénotypique des génotypes un mois après l'inoculation	54

Liste Des Tableaux

Tableau 1.Nombre de germoplasmes d'orges des principales banques de gènes du monde (FAO, 2010)	17
Tableau 2.Valeurs de référence pour les différentes analyses	44
Tableau 3. Paramètres agro morphologiques	45
Tableau 4.Paramètres de qualité nutritionnelle de l'orge.....	48
Tableau 5.Corrélation de Pearson entre le paramètre agro morphologiques et les paramètres de qualité nutritionnelle	50
Tableau 6.Paramètres de qualité technologiques du malt	51
Tableau 7.Corrélation de Pearson entre les différents traits de qualité technologiques du malt ...	57
Tableau 8 . Dix meilleurs génotypes de malt	58

Table des matières

Liste des abréviations.....	III
Liste des figures.....	IV
Liste des tableaux.....	VI
Introduction.....	1

Partie II

Synthèse bibliographique

1 Production et consommation d’Orge	5
1.1 Production mondiale de l’orge	6
1.2 Production Marocaine de l’orge	7
1.3 Commerce et échange mondiale de l’orge	8
2 Différentes utilisations de l’orge	9
2.1 Consommation humaine	10
2.1.1 Mouture de l’orge	10
2.1.2 Produits à base de malt	10
2.1.3 Alimentation animale	10
2.1.4 Autres utilisations industrielles.....	10
3 Origine et domestication de l’orge	10
4 Taxonomie, morphologie et anatomie.....	11

5	Structure du grain d’orge.....	12
6	Ressources phylogénétique de l’orge	14
6.1	Lignées pures	14
6.2	Population locale	14
6.3	Variétés	14
6.4	Hybrides.....	15
6.5	Centre d'origine	15
7	Conservation des ressources phylogénétiques.....	15
7.1	Conservation <i>ex situ</i>	16
7.2	Conservation <i>in situ</i>	17
8	Amélioration génétique	18
8.1	Sélection assistée par marqueurs moléculaires	18
9	Qualité nutritionnelle de l’orge	19
9.1	β -Glucanes	19
9.2	Amidon	20
9.3	Sucres.....	21
9.4	Protéines.....	21
9.5	Lipides	21

9.6	Vitamines	22
9.7	Micronutriments	22
10	Constituants enzymatiques.....	23
11	Indicateurs de qualité de l'orge brassicole	24
11.1	Pureté variétale	24
11.2	Rendement en extrait hydrosoluble	24
11.3	Pouvoir diastasique.....	24
11.4	Teneur en protéines	24
11.5	Calibre.....	24
11.6	Couleur	25
12	Le maltage.....	25
12.1	La trempe	25
12.2	La germination	26
12.3	Le touraillage	27
13	Résistance de l'orge aux agents pathogènes, cas de la tache réticulée	27
13.1	Caractérisation de l'agent pathogène	27
13.1.1	Taxonomie.....	27
13.1.2	Description de l'agent pathogène	27
13.1.3	Cycle de vie de l'agent pathogène	28

Partie II

Matériels et Méthode

1	Matériel végétal.....	30
2	Méthodologie.....	30
3	Caractérisation agro morphologique.....	31
3.1	Paramètres physiques du grain.....	31
3.2	Poids de 1000 grains.....	31
3.3	Paramètres de couleur.....	32
4	Analyse par la Spectroscopie NIR	32
4.1	Poids à l'hectolitre.....	33
4.2	Humidité	33
4.3	Evaluation de la qualité nutritionnelle de l'orge	34
4.3.1	Teneur en amidon	34
4.3.2	Teneur en protéines.....	34
5	Evaluation Teneur en β-glucanes de l'orge	35
6	Calibrage des grains (Paramètre technologique)	37
7	Micro maltage	37
7.1	Indice germinative	38

8	Evaluation de la qualité des paramètres technologiques du malte	39
8.1	Friabilité du malt	39
8.2	Activité alpha-amylasique du malt	39
8.3	Acides aminés libres	40
9	Evaluation de la résistance à la tache reticulée de l'orge	40
9.1	Matières végétales	40
9.2	Protocole	41
10	Analyses statistiques	42

Partie III

Résultats et Discussion

1	Valeurs références	44
2	Caractérisation Agro-morphologique.....	45
2.1	Poids de 1000 grains.....	45
2.2	Poids à l'hectolitre.....	46
2.3	Aire	46
2.4	Capacité germinative	47
3	Caractérisation des paramètres de la qualité nutritionnelle de l'orge.....	48
3.1	Teneur en amidon.....	48

3.2	Teneur en protéines	49
3.3	Teneur en bêta-glucanes	49
5	Caractérisation des paramètres de la qualité technologiques du malt	50
5.1	Friabilité du malt	51
5.2	Rendement en extrait de malt.....	52
5.3	Activité alpha-amylasique du malt.....	52
5.4	Teneur en acides aminés libre du malt	53
6	Evolution β-glucanes, avant et après germination	54
7	Criblage phénotypique après l'inoculation	54
8	Corrélation de Pearson entre les différents traits de qualité du malt	57
9	Discussion générale.....	58
	Conclusion et Perspectives.....	64
	Références Bibliographiques.....	66
	Annexes	

Introduction

L'orge (*Hordeum vulgare* L.) est l'une des espèces les plus anciennement cultivées. Elle occupe la 4ème place des cultures céréalières dans le monde après le blé, le riz et le maïs (Zhou, 2010). Elle possède une caractéristique essentielle qui est son extraordinaire adaptation à des conditions écologiques extrêmes, incluant les altitudes élevées jusqu'à 4.500 m en Himalaya, les secteurs à fortes intempéries saisonnière de l'Asie du sud, et des régions arides méditerranéennes (Taner & Fazil, 2004).

Des variétés résistantes à la sécheresse et aux températures élevées ont aussi été développées pour les régions semi-désertiques d'Afrique du Nord et de l'Est, d'Asie centrale, de Chine, du Pakistan, d'Inde et d'Australie (Aumentare *et al.*, 2010). Cette espèce est aussi tolérante à la salinité. Certaines variétés, comme "Mariout", sont cultivées dans le delta du Nil et dans les sols salins de diverses régions du monde où les concentrations de sels dépassent les 3500 ppm (Abdul *et al.*, 1997).

Les céréales de tous les temps, ont été la base de l'alimentation humaine pendant l'antiquité et jusqu'au deuxième siècle av. J.C. l'orge était la céréale la plus utilisée pour l'alimentation humaine dans les régions du Croissant Fertile, d'Europe centrale et du bassin Méditerranéen (Mulatu and Grando, 2011). L'orge reste encore un aliment important dans plusieurs régions du monde telles que l'Afrique du Nord, le proche Orient et l'Asie (Newman & Newman, 2008).

Environ les deux tiers de la récolte mondiale d'orge sont utilisés pour l'alimentation animale, tandis que le tiers restant sert de base aux industries du maltage, du brassage et de la distillation. Bien que l'alimentation humaine ne soit pas un usage principal, l'orge offre des avantages potentiels pour la santé et demeure la principale source de calories dans plusieurs régions du monde (Shewry and Ullrich, 2014).

De nos jours, et particulièrement dans les pays de l'Europe de l'Est, la farine d'orge est généralement mélangée à celle du blé et d'autres céréales pour la fabrication de galettes et du pain (Felizardo and Freire, 2018). En Amérique du Nord et en Europe de l'Ouest, seulement 20 à 25 % de la production est utilisée pour la préparation de farines qui seront destinées à la confection de pains et d'autres mets pour l'alimentation humaine directe (Rafiq, 2012).

Environ 45-50 % de la production annuelle d'orge est utilisée à la ferme pour l'alimentation des animaux et comme source de semences pour le semis de l'année suivante.

Près de 30 % de la production est utilisée par les brasseries pour la fabrication de la bière et d'autres boissons alcoolisées, comme le whisky, ainsi que pour des sirops de malt qui sont ajoutés à différents produits alimentaires (Cammarano *et al.*, 2019).

L'orge est un membre diploïde de la famille des graminées, ce qui en fait un modèle naturel pour la génétique et la génomique de la tribu des Triticeae, notamment le blé et le seigle polyploïdes, c'est l'un des plus grands génomes diploïdes séquencés à ce jour.

Objectifs et démarche

L'une des principales caractéristiques de la recherche et du développement dans le secteur de l'orge alimentaire est l'urgence d'améliorer la qualité de l'orge. La nécessité de sensibiliser les décideurs et les agents de développement en ce qui concerne l'orge alimentaire, l'importance dans l'économie des régions aux ressources limitées. Par conséquent, ils peuvent promouvoir l'utilisation de l'orge comme aliment et établir des politiques qui favorisent le développement et la production de l'orge et son utilisation pour l'alimentation humaine.

La malterie et la brasserie dépendent non seulement des travaux scientifiques et agronomiques, mais aussi du développement rapide de l'agriculture céréalière. De nombreuses recherches ont montré l'importance des caractères phénotypiques sur les qualités technologiques des orges de brasserie (Edney & Woodbeck, 2003) ; (Prystupa *et al.*, 2019). La sélection d'orges de type brassicole constitue un cas de figure particulièrement difficile car, la technologie de la malterie-brasserie est complexe vue la multiplicité des critères de qualité.

Dans le cadre de la contribution de l'ICARDA à l'effort visant à surmonter ces défis, de multiples programmes d'améliorations génétiques sont mises en œuvres.

L'identification de matériel génétique qui regroupe à la fois les performances agronomiques et la bonne qualité nutritionnelle ; ou les performances agronomiques, la bonne qualité brassicole et la résistance aux maladies, particulièrement la tâche réticulée de l'orge sont des objectifs majeurs du programme d'amélioration génétique de l'orge d'hiver à l'ICARDA.

C'est dans ce contexte que s'inscrit le présent travail qui s'est déroulé au sein du Laboratoire de Qualité des Céréales et des Légumineuses de l'ICARDA- Rabat. Une collection de lignées avancées d'orge a fait l'objet d'une caractérisation technologique, chimique, biochimique et un criblage phytopathologique afin de pouvoir :

- ❖ Etablir une caractérisation complète de la qualité nutritionnelle et brassicole d'une collection de 65 lignées d'orges d'hiver.
- ❖ Identifier des lignées contrastées potentielles, qui peuvent être utilisées dans les programmes futurs d'amélioration de la qualité de l'orge.

On effectue des analyses non destructives pour tous les génotypes (poids de 1000 grain, calibre des grains, protéine totales, teneur en amidon, humidité, poids à l'hectolitre, micro maltage, friabilité et le rendement en extrait de malt).

Sur la base des résultats des analyses non destructives, les meilleurs génotypes sont sélectionnés pour les analyses dites destructives (bêta-glucanes, activité alpha amylasique, teneur en acides aminés libres).

Partie 1

Synthèse bibliographique

1 Production et consommation d'Orge

Le climat change drastiquement, les régimes pluviométriques sont variables et bien souvent faibles, qui se traduit par de fortes contraintes hydriques et thermiques. Cet environnement, le plus souvent stressant, impose une limite à l'expression des aptitudes génétiques des cultivars. Malgré les contraintes biotiques et abiotiques, l'orge reste l'une des principales cultures céréalière ce qui est dû à sa grande adaptabilité à des conditions environnementales très différentes, comprenant des latitudes et des altitudes extrêmes (Ulrich, 2002).

La production mondiale totale en 2008 était de 147 millions de tonnes (FAOSTAT, 2017). L'Europe occupe la première place avec 62,2 % de la production mondiale, suivie de l'Asie (14,9 %) et de l'Amérique du Nord (13,8%) (Figure 1). En général, on observe une grande fluctuation du rendement. Les données de 2017 ont montré que la production d'orge variait d'un rendement moyen de 6,9 t/ha en Europe occidentale (qui montre un climat presque idéal pour l'orge avec des apports relativement élevés en engrais et pesticides) à 1,5 t/ha observé en Bolivie et au Pérou, où l'orge est en pleine croissance à haute altitude. Ceci est dû à un grand nombre de facteurs tels que l'adaptation au climat, le sol, les facteurs biotiques et abiotiques, y compris le niveau des intrants des agriculteurs (cultivars, engrais, pesticides et irrigation) (Visioni *et al.*, 2014) .

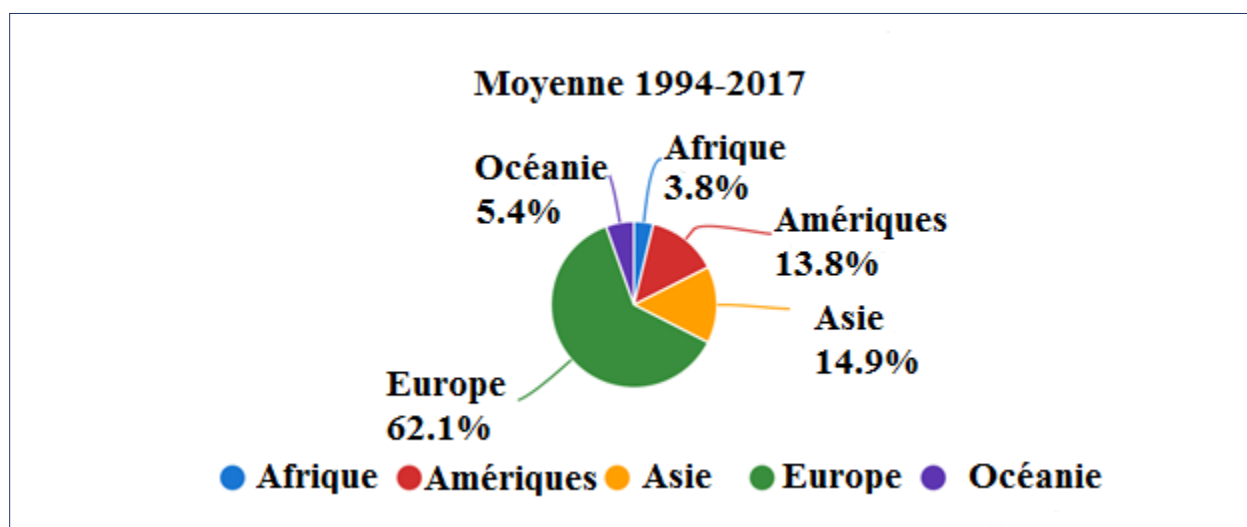


Figure 1. Part de la production d'orge par région (FAOSTAT, 2017)

La Fédération de Russie est de loin la plus grande productrice au monde avec une production en moyenne de 17.7 Millions de tonnes sur la période de 1961 à 2017 suivie de l'Allemagne et du Canada, les dix premiers pays producteurs d'orge sont représentés sur la figure 2.

L'orge a de nombreuses utilisations économiques aujourd'hui principalement pour l'alimentation des bétails. Par exemple, plus de la moitié de l'orge est utilisé pour nourrir les animaux aux États-Unis. L'orge comme aliment à la même valeur nutritive que le maïs, riche en hydrates de glucides, avec teneurs modérées en protéines, du calcium et phosphore, aussi un peu de vitamine B (Zhou, 2010).

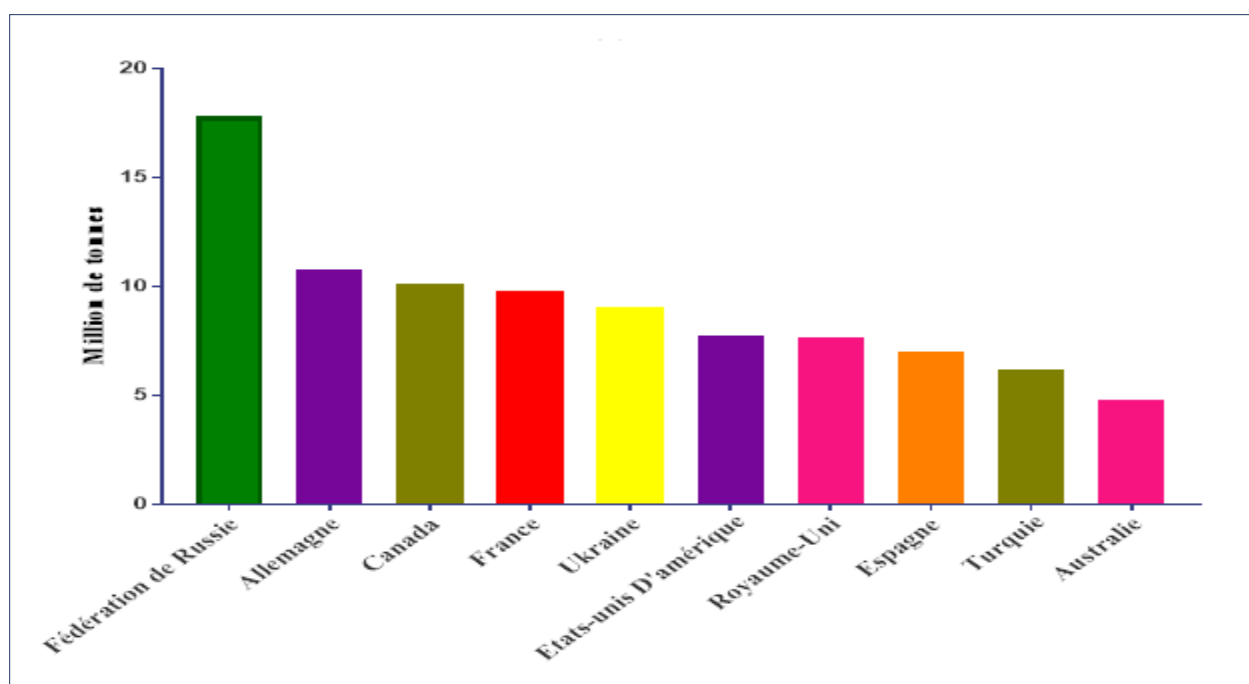


Figure 2. 10 principaux producteurs d'orge au Monde (FAOSTAT, 2017)

1.1 Production mondiale d'orge

L'année 2017, la production mondiale d'orge a connu une nette augmentation, soit environ 147 millions de tonnes, c'est la deuxième meilleure performance depuis 2010. La période entre 2010 et 2017 a connu des fluctuations de la production, notamment les années 2010 et 2012 lors desquelles la production a subi une baisse notable. Néanmoins, depuis l'année 2013 la production a commencé à croître d'une manière stable, sauf l'année 2016 où la production a connu une petite baisse (figure 3).

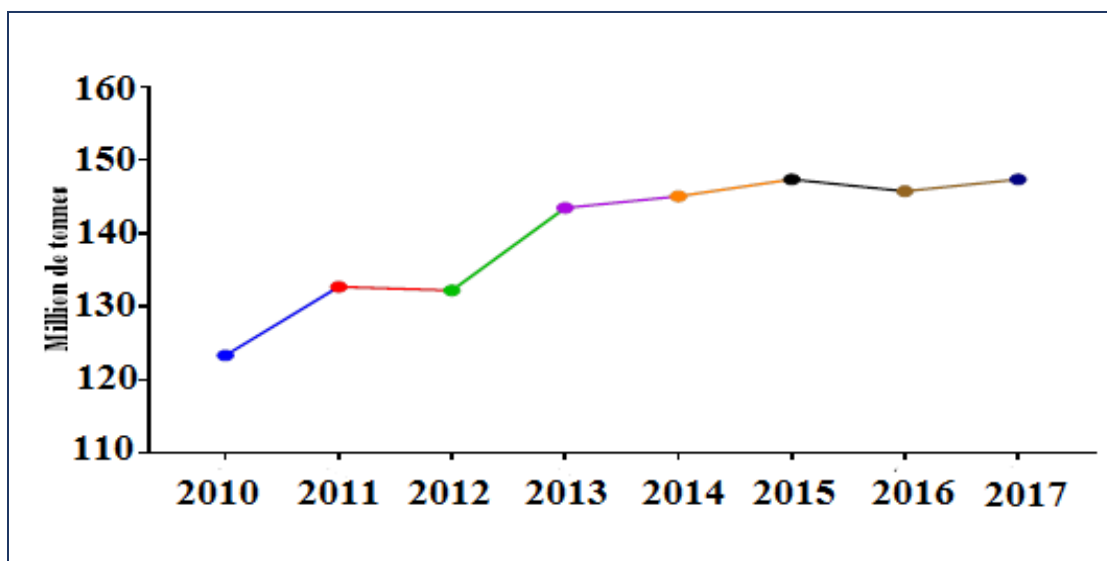


Figure 3. Evolution de la production mondiale d'orge (FAOSTAT, 2017)

1.2 Production Marocaine d'orge

Les deux dernières décennies ont été marquées par des fluctuations prononcées de la production d'orge au Maroc, la tendance a été plutôt bonne sur la période de 2002 à 2006 et celle de 2009 à 2011. Ces fluctuations sont dues à l'irrégularité des précipitations. Une diminution drastique de la production a été observé lors de la campagne de 2002, la récolte était sous la barre de 1 Million de tonne (FAO 2017). Après la récolte de 2009, l'année 2015 a été la meilleure performance depuis le début du siècle (Figure 4)

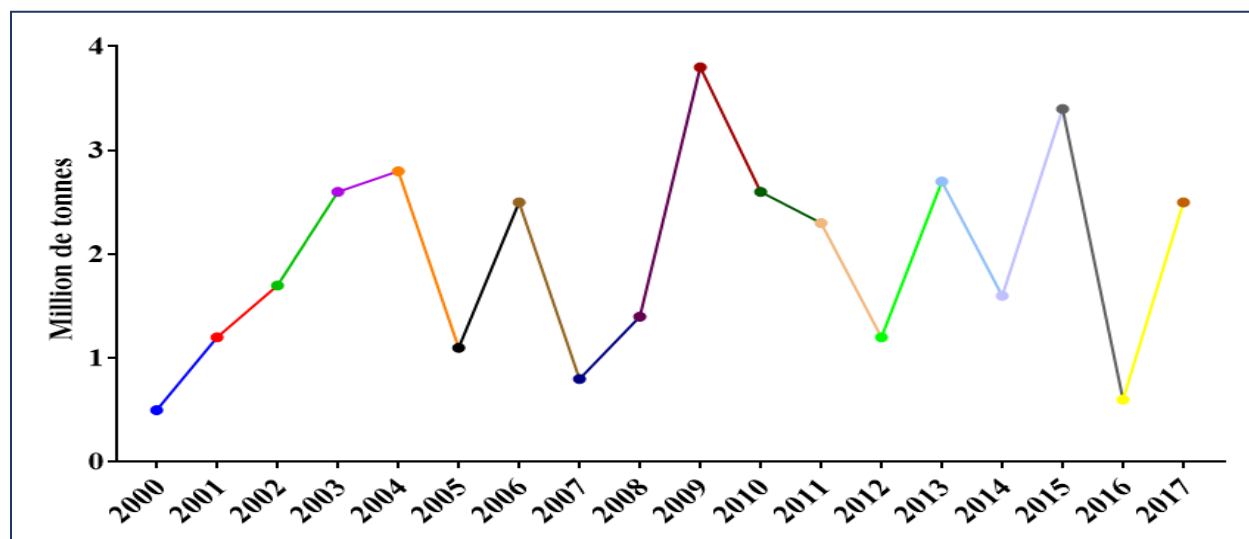


Figure 4. Production Marocaine d'orge (FAOSTAT, 2017)

L'accroissement démographique et le développement important du secteur brassicole, rendent la production locale incapable de répondre aux fortes demandes du marché, surtout les années où les aléas climatiques sont hostiles. Une tendance qui est confirmée, car une faible production annuelle comme celles de 2014 et 2016 (Figure 4) engendrait une augmentation de l'importation sur les mêmes périodes (Figure 5). Dans ces cas l'import est nécessaire pour assurer la sécurité alimentaire de la population.

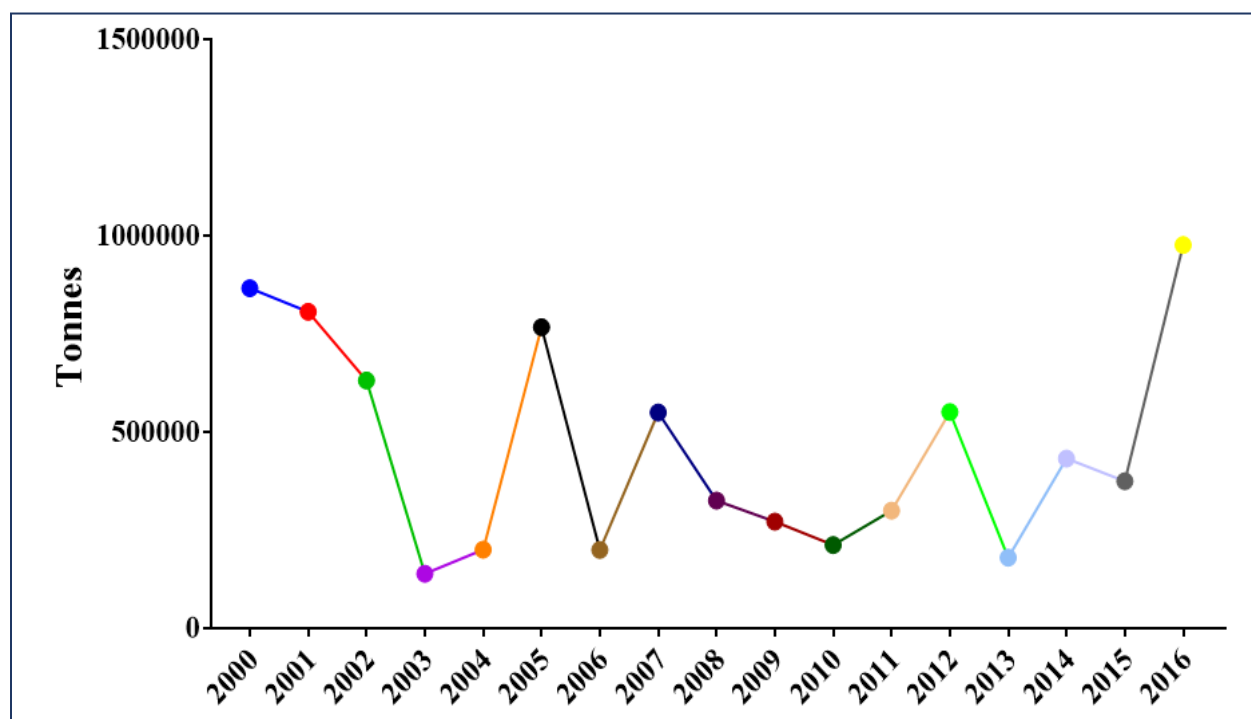


Figure 5.Importation d'orge au Maroc (FAOSTAT, 2016)

1.3 Commerce et échange mondiale d'orge

Le commerce d'orge dans le monde sur un demi-siècle a beaucoup évolué avec des petites fluctuations, mais la tendance tend toujours vers la hausse. Des données sur l'activité d'exportation de l'orge et de la bière d'orge (FAOSTAT 2016), sont représentées sur la figure 6, qui inclut des données pour la quantité et la valeur des produits d'orges pour la période 1970 à 2016. Généralement la quantité et la valeur des exportations sont accrues en 2015, sur cette même année la production mondiale d'orge a eu l'un des meilleurs résultats (Figure 3).

Cependant, quelques différences marquantes peuvent être vues entre la quantité de bière d'orge exportée et la quantité d'orge exportée, ce qui explique du fait que l'orge ait beaucoup d'utilisations autres que la bière et le comportement des consommateurs de bière qui préfèrent dans bien des cas consommés locale. Par contre, la valeur de la bière à l'exportation est en plein boom tandis que celle de l'orge stagne.

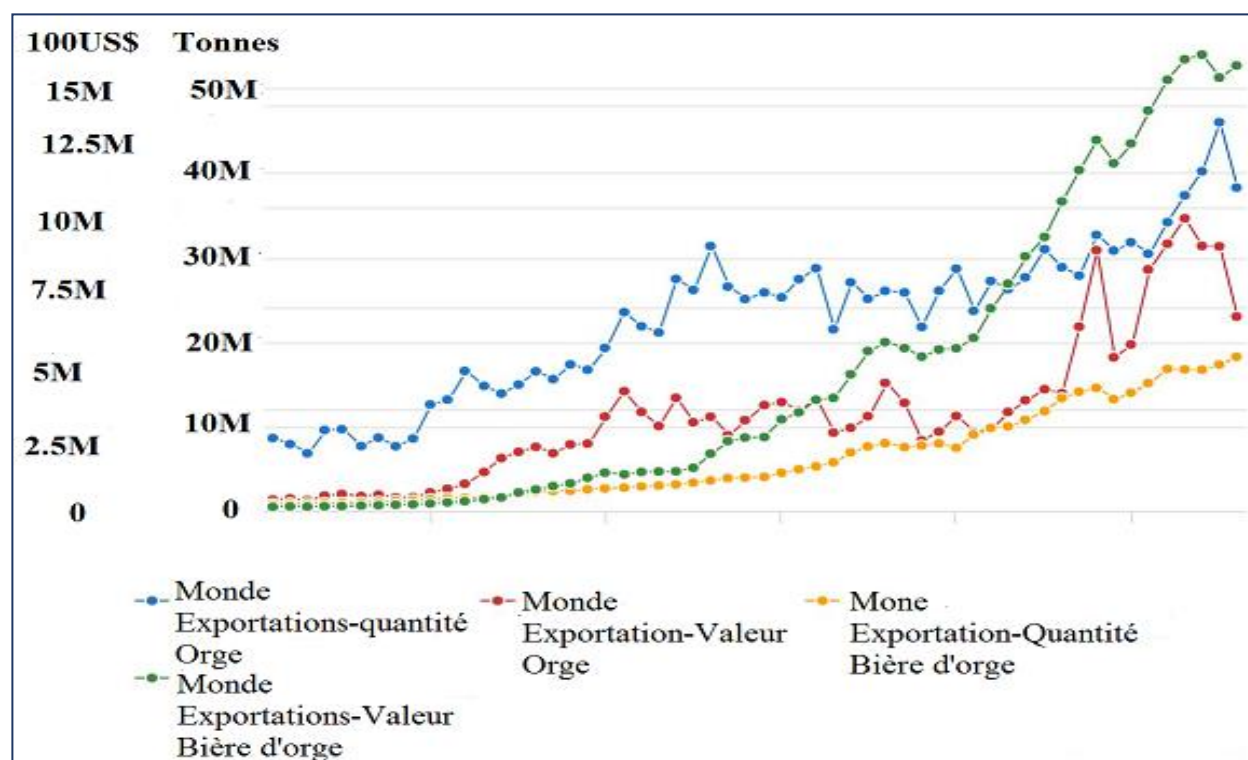


Figure 6. Évaluations du commerce mondial d'orge et des produits d'orge (FAOSTAT, 2019)

2 Différentes utilisations de l'orge

L'orge a été beaucoup utilisée de diverses manières, qui ont évolué, et disparu au cours des millénaires avec la chasse et le développement de l'agriculture. Linné doit avoir pensé à l'utilisation de l'orge quand il lui a donné le nom scientifique, *Hordeum vulgare*. Hordeum dérive du hordearii, qui signifie « Gladiateurs » en latin, parce que l'orge était un composant primaire du régime alimentaire des gladiateurs, ce qui leur a donné la force, la vigueur et la graisse sous-cutanée (Shewry & Ullrich, 2014).

2.1 Consommation humaine

2.1.1 Mouture d'orge

La mouture de l'orge est réalisée pour obtenir des produits du type: orge perlée, gruaux d'orge, flocons ("flakes") d'orge et farine d'orge, pour la consommation humaine.

2.1.2 Produits à base de malt

L'utilisation de la fermentation pour la fabrication de divers types de boissons est antique, retournant au moins à l'aube de l'agriculture. Considérant que le grain cru d'orge peut contribuer à la fabrication de certaines boissons fermentées, distillées (par exemple, shochu japonais et soju coréen), le maltage est une première étape critique dans la fabrication de la bière et des boissons alcoolisées telles que le whisky (Springuel, 2012).

2.1.3 Alimentation animale

Les caractéristiques généralement requises pour une orge fourragère sont : une teneur en protéines élevée et une teneur en lysine élevée (Austran, 1994). Le grain d'orge peut être alimenté entier et cru, sec-roulé ou en vapeur-roulé. Il est donnée principalement aux porcs et aux ruminants (bétail) mais est également employé pour la volaille (Anderson *et al.*, 2012). Toutefois la volaille est particulièrement sensibles aux fibres du grain (Shewry & Ullrich, 2014).

2.1.4 Autres utilisations industrielles

L'orge a également d'autres utilisations courantes ou potentielles. Certaines de ces dernières sont des utilisations industrielles comme la fabrication du papier, confection de tissus, la production de combustibles organiques et des produits chimiques industriels tels que l'éthanol ,le méthanol (Zhou, 2010), ainsi que des boissons énergétique, des sirops médicinaux, du vinaigre et aliments pour bébé (Verma & Sarkar, 2008).

3 Origine et domestication de l'orge

Les études génétiques, incluant les analyses récentes en biologie moléculaire, confirment que l'orge cultivée a évolué à partir de l'espèce *Hordeum spontaneum* L.* ($2n = 14$). Une orge spontanée possédant un épi à rachis cassant à deux rangs, qui est bien représentée dans différentes régions intra montagneuses ainsi que dans les plaines de l'est de l'Asie, du Croissant Fertile et du nord-est de l'Afrique (Figure 7) (Naz *et al.*, 2014).

Les découvertes archéologiques démontrent que l'orge spontanée avait fait l'objet de cueillettes intensives au Moyen Orient il y a dix milles ans (Grando & Tropics, 2014).



Figure 7. Première zone de domestication de l'orge, le croissant fertile (Zeng et al, 2018)

L'histoire de la domestication de l'orge était toujours le croissant fertile jusqu'à ce que plusieurs auteurs aient rapporté l'existence d'autres emplacements de domestication. C'est en utilisant des SSRs nucléaires et chloroplastiques de deux sous-espèces d'orge (*H. vulgare spontaneum ssp* et *H. Vulgare agriocrithon ssp*) évoqué l'origine tibétain de l'orge (Jilal, 2011).

4 Taxonomie, morphologie et anatomie

L'orge c'est une plante appartenant à la famille des Poacée, sous famille des Festucoïdées regroupant des genres de zones tempérées. Les orges constituent le genre *Hordeum*, que l'on regroupe avec les genres *Triticum*, *Tecale* et *Lolium* dans la tribu des Triticées. Il y a 32 espèces, pour un total de 45 taxa dans le genre *Hordeum* (Parzies & Ennos, 2000).

Les *Hordeum* se caractérisent par des épillets uniflores groupés par trois de façon alternée à chaque étage du rachis. Des épillets latéraux (3+3 alternés) généralement développés confèrent la morphologie *orge à six rangs*, ce sont des escourgeons, orges hexastique et orge carrées. Lorsque les épillets latéraux sont réduits à des vestiges, on a la morphologie classique de *l'orge à deux rangs*, (Hugo, 2017). Les deux types d'orges sont représentés dans la figure 8.



Figure 8. L'orge à deux rangs (a) et l'orge à six rangs (b) (Ulrich, 2002)

5 Structure du grain d'orge

Le grain d'orge est un fruit de type caryopse. Extérieurement, on peut distinguer sur le grain d'orge plusieurs parties. La base du grain est droite ou biseautée contrairement à l'extrémité opposée pointue et présentant une aiguille, la barbe. La base du grain est le siège de l'embryon, on peut y voir l'appendice basilaire qui est un petit axe velu au sein du sillon ventral. Les lodicules et l'appendice basilaire permettent l'identification des variétés. L'intérieur du grain peut être divisé en 3 grandes parties: les téguments, l'albumen et l'embryon (Figure 9).

Les téguments sont constitués de 3 couches: l'enveloppe externe, le péricarpe et le testa.

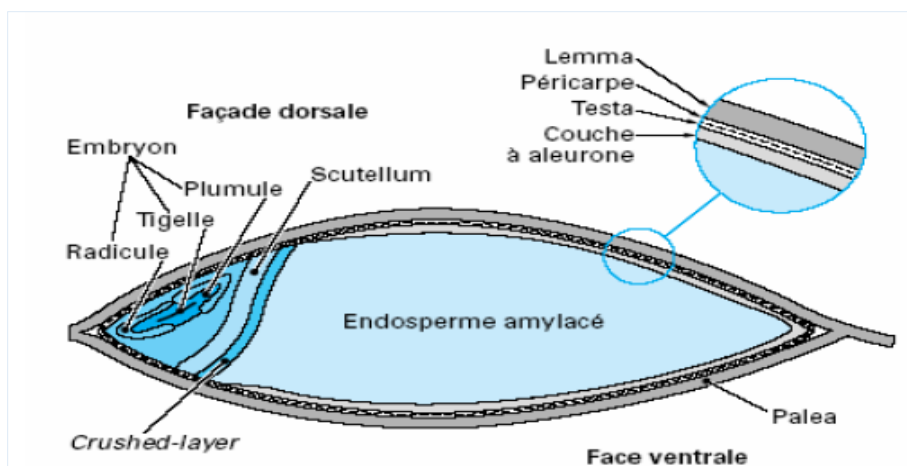


Figure 9. Coupe longitudinale du grain d'orge (Société Malteurop, 2000), cité par (Hugo, 2017)

L'enveloppe externe, comprenant l'enveloppe ventrale (*pâlea*) et dorsale (*lemma*), est composée majoritairement de cellulose et contient des acides testiniques. Ce terme rassemble la fraction soluble en solution alcaline diluée et insoluble en solution acide, principalement de l'enveloppe mais plus globalement du grain. Elle consiste surtout en un complexe de composés phénoliques et de protéines (Charles *et al.*, 2012) impliqué dans les troubles colloïdaux dans la bière (Prystupa *et al.*, 2019). En effet, la composition des acides testiniques de l'orge et des troubles colloïdaux de la bière présentent beaucoup de similitudes, notamment en terme d'acides phénoliques et d'acides aminés (Charles *et al.*, 2012).

Le péricarpe, contient la majorité des polyphénols. Il agit également comme tissu de protection. C'est entre le péricarpe et l'enveloppe extérieure, sur la partie dorsale, que se développera la plumule lors de la germination (Vaculova, 2016).

Enfin le testa, composé de deux couches de cellules autour de l'endosperme et d'une seule couche autour de l'embryon. Il a une importance particulière de par sa semi-perméabilité. En effet, le testa permet le passage de l'eau mais pas des minéraux. Ainsi lors de la trempe, les sels présents dans l'eau ne pénétreront pas dans le grain (Fox *et al.*, 2009). Le grain doit atteindre une teneur en humidité de 13 à 15% avant la moisson (Newman & Newman, 2008) .

Il existe deux types d'orges ; l'orge nue et l'orge recouverte (Figure 10).

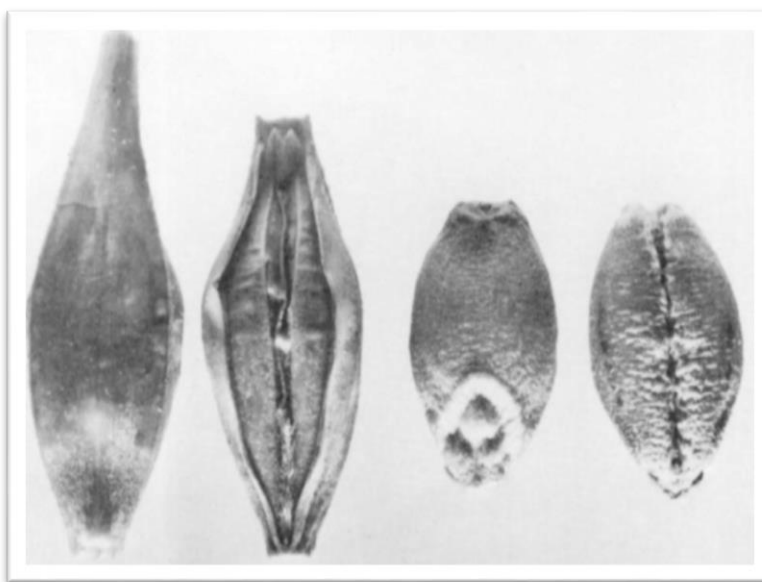


Figure 10. De gauche à droite, l'orge recouvert et orge nu (Newman & Newman, 2008)

6 Ressources phylogénétique de l'orge

Les ressources phylogénétiques constituent un ensemble précieux de caractéristiques héréditaires, c'est un matériel renfermant toutes les données génétiques qui constituent le bagage héréditaire d'une plante et dont la diversité est largement exploitée par l'Homme. La préservation de ce potentiel s'effectue soit pour sa valeur patrimoniale, soit par les améliorateurs dans le programmes d'amélioration génétique à des fins de recherche ou commerciales (agriculture, industrie, médecine...) et la sauvegarde de ce patrimoine est une garantie pour répondre à des besoins futurs, qu'il s'agisse de variétés anciennes ou modernes, de populations locales ou de lignées sélectionnées, d'hybrides simples ou doubles (Kant & Babu, 2016).

6.1 Lignées pures

Les lignées pures sont formées d'un seul génotype homozygote à tous les locus, qui par autofécondation donne des descendants tous homozygotes, identiques entre eux et identiques à ceux de la génération précédente. Les lignées pures sont très homogènes et reproductibles. Leur sélection étroite permet d'obtenir de bonnes performances (Chentoufi, 2010).

6.2 Population locale

Les populations locales sont formées par la multiplication en masse d'une population naturelle, c'est-à-dire développée par l'homme. Il peut y avoir, dans certaines situations, une sélection par l'agriculteur au passage d'une génération à une autre; ce sont des variétés évolutives. Dans le contexte d'une agriculture plus intensifiée, quel que soit le type de plantes, l'hétérogénéité génétique des populations locales ne permet pas de bonnes performances, mais elle procure une assez bonne régularité de comportement dans des milieux variés et variables (Parzies & Ennos, 2000).

6.3 Variétés

Une variété désigne un ensemble végétal, d'un taxon botanique du rang le plus bas connu, défini par l'expression reproductible de ses caractères distinctifs et autres caractères génétiques, créée pour que la production qui en est issue réponde mieux aux demandes des utilisateurs (agriculteurs, industriels, consommateurs) et au respect de l'environnement. Elle est le résultat d'une sélection

dite créatrice, mettant en œuvre des méthodes et des outils permettant d'associer le maximum de gènes favorables chez les individus qui la composent (Jilal, 2011).

6.4 Hybrides

Lors de la sélection génétique par croisement, on utilise des individus parents de lignée pure qui présentent chacun un trait d'intérêt, d'un point de vu agro-alimentaire. On espère ainsi obtenir des descendants appelés génération F1, des hybrides ayant hérités des caractères de chacun des 2 parents ; on parle de « vigueur hybride ».

Ces hybrides n'existent pas naturellement et sont particulièrement intéressants, à titre d'exemple dans le cas où il existe chez un parent cinq locus de résistance à des agents pathogènes, chacun étant occupé par un allèle dominant, et chez l'autre parent cinq autres locus de résistance à d'autres agents pathogènes, chacun étant également occupé par un allèle dominant, l'hybride obtenu en une seule génération sera résistant aux dix agents pathogènes. L'inconvénient est que ces hybrides sont des hétérozygotes, ce ne sont pas des lignées pures et la plupart ne peuvent se reproduire et fournir de nouvelles graines pour les années suivantes. Pour conserver ces caractères d'intérêts, l'agriculteur est donc obligé d'acheter des nouveaux plants tous les ans (Ahmadi, 2009).

6.5 Centre d'origine

« Centre d'origine » désigne une zone géographique où une espèce végétale, cultivée ou sauvage, a développé pour la première fois ses caractères distinctifs.

7 Conservation des ressources phylogénétiques

Ces dernières années sont marquées par une détérioration accentuée de la diversité génétique dans beaucoup de régions du monde. À titre d'exemple, La Jordanie, a souffert d'une perte considérable de plusieurs espèces végétales. Cette perte est due à la dégradation de leur biotope, suite aux fréquentes périodes de sécheresse, au surpâturage, aux fausses pratiques culturales et à l'urbanisation sauvage. Par conséquent, si cette tendance persiste, elles représenteront, sans aucun doute, une sérieuse menace compromettant la sécurité alimentaire à l'échelle planétaire. Les ressources phylogénétiques constituent, en effet, la base biologique de la sécurité alimentaire mondiale.

7.1 Conservation *ex situ*

« Conservation *ex situ* » c'est la conservation de ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture en dehors de leur milieu naturel.

La conservation *ex situ* principalement, sous forme de graines dans les banques de gènes est la plus significative et le moyen le plus répandu pour la conservation des ressources génétiques. Les ressources génétiques conservées dans les banques de gènes comportent dans le monde entier environ 7.9 millions d'accessions. Presque 45% de la collection du monde sont des accessions de céréales. Les accessions d'orges dans les banques gènes du monde, sont la deuxième plus grande collection parmi des accessions de céréale après le blé (FAO, 2010).

L'ICARDA maintient une grande partie de la collection mondiale de germoplasmes d'orge soit un total d'accessions de 26.679 germoplasmes d'orges sont conservées dans la banque de gène de l'ICARDA (Kant & Babu, 2016).

D'autres instituts internationaux tiennent des matériels génétiques d'orge, et sont activement impliqués dans leurs conservations (Tableau 1)

Tableau 1. Nombre de germoplasmes d'orges des principales banques de gènes du monde (FAO, 2010)

S . No	Pays	Banque de Gene		Nom - bre	Accessions				
		Code de l'institu- tion	Acronyme		Pourcentage				
					Espèces sauvages	Populati- lon locale	Ligné e d'elite	Variété Amélioré e	Autre s
1	Canada	CAN004	PGRC	40031	12	41	27	13	7
2	USA	USA029	NSGC	29874	7	55	23	15	.
3	Brasil	BRA003	CNARGEN	29227	.	.	.	.	100
4	Syrie	SYR002	ICARDA	26679	7	67	.	1	25
5	Japon	JPN003	NIAS	23471	1	5	15	.	79
6	Allemagne	DEU146	IPK	22093	6	56	12	24	2
7	Chine	CHN001	ICGR-CASS	18617	.	.	.	.	100
8	Corée	KOR011	RDAGB	17660	.	25	10	1	64
9	Russie	RUS001	VIRIBC	16791	.	25	.	.	75
10	Ethiopie	ETH085		16388	.	94	.	.	6
11	Mexique	MEX02	CIMMYT	15473	1	3	77	11	8

7.2 Conservation *in situ*

La conservation *in situ* est complémentaire à la conservation *ex situ*. C'est un mode de conservation dynamique du matériel génétique par rapport à la nature statique de la conservation *ex situ*. De nos jours, la conservation *in situ* a attiré beaucoup d'attention et des efforts sont faits pour conserver les ressources génétiques sous son environnement indigène. Elle est importante pour la conservation des espèces qui sont difficiles à conserver dans des conditions *ex situ*, particulièrement les parents sauvages de récolte (CWR) (Messia et al., 2019). Avec l'élaboration de nouvelles méthodes biotechnologiques, les parents sauvages de récolte deviennent de plus en plus importants pour les programmes d'amélioration génétique.

La conservation *in situ* a lieu souvent dans des zones protégées ou des habitats par opposition à la conservation *ex situ*. Le deuxième rapport sur l'état de ressources génétiques des plantes du monde

pour la nourriture et l'agriculture de 2010, a indiqué une augmentation du nombre de secteurs protégés, la réserve d'Erebuni a été établie en Arménie pour conserver des populations de parents sauvages « *Hordeum spontaneum*, *H.bulbosum* et *H. glaucum* »

8 Amélioration génétique

Les programmes d'améliorations génétiques ont pour objectifs d'isoler et de multiplier un trait bénéfique dans le but d'améliorer une espèce soit pour des traits agro morphologiques intéressants, la résistance aux stress abiotiques et biotiques. C'est un processus qui peut se dérouler naturellement sous la pression des facteurs du milieu ou artificiellement par l'intervention de l'homme dans le cadre du programme d'amélioration génétique.

8.1 Sélection assistée par marqueurs moléculaires

Il s'agit la stratégie la plus récente d'amélioration des cultures qui utilise les marqueurs moléculaires (points de repère des génomes) pour faciliter la prise de décision dans le dépistage des matériels de sélection. Ce changement de paradigme a été largement facilité par les méthodes à haut débit pour identifier et utiliser les marqueurs moléculaires à grande échelle, notamment l'infrastructure technologique d'information, et par les approches interdisciplinaires qui permettent le phénotypage et la caractérisation des caractères à travers plusieurs environnements. La sélection assistée par marqueurs moléculaires devient un outil précieux pour de nombreuses cultures et on s'attend à ce que son utilité augmente beaucoup plus, lorsque les dosages de biologie moléculaire seront plus rentables. Le développement des marqueurs a été largement facilité par les améliorations dans la localisation génomique des allèles qui contrôlent les caractères. Les progrès dans la construction des cartes de liaison génétique moléculaire, dans la création de cartes physiques et plus récemment dans la cartographie d'association qui contribuent à peupler continuellement le répertoire des marqueurs moléculaires utiles pour l'amélioration des cultures (Romero & Niks, 2018). Grâce aux marqueurs moléculaires, il devient en effet possible, d'une part, de mieux lire le génotype à travers le phénotype et, d'autre part, de contrôler les recombinaisons entre locus en cause (Zhu *et al.*, 2008).

9 Qualité nutritionnelle de l'orge

Les aliments sont inégalement dispersés dans les diverses parties du grain. L'endroit et la concentration des aliments au grain ont des implications importantes dans la disponibilité des nutriments et les méthodes de transformation.

En réalité les orges diffèrent autant ou plus dans des caractéristiques alimentaires que dans les caractéristiques morphologiques (Gils & Graner, 2016). Le génome d'orge contient un grand nombre de gènes qui déterminent la qualité des produits alimentaires, beaucoup n'ont pas été encore caractérisés, l'orge peut différer considérablement en composition chimique due au génotype, aux pratiques culturales, et aux conditions environnementales (Newman & Newman, 2008).

9.1 β -Glucanes

les β -glucane font parties d'une famille de polysaccharides hétérogènes en ce qui concerne la taille moléculaire, la solubilité, et la structure moléculaire (Messia *et al.*, 2019). Les β -Glucanes se composent des chaînes linéaires de résidus de β -glucosyl à poids moléculaire élevé, polymérisés par des liaisons β -(1.3) et β -(1.4) (Bahadur *et al.*, 2015).

Une représentation schématique de la β -glucane de l'orge est montrée sur la figure 11. Le niveau de β -glucane dans l'orge est génétiquement régulé, bien que la concentration soit souvent modifiée par l'environnement, des conditions particulièrement chaudes et sèches pendant la maturation du grain.

Pendant les deux dernières décennies, les β -glucanes ont été considérées comme ingrédients bioactifs dus à leur capacité d'abaisser le cholestérol du plasma, améliorer le métabolisme des lipides, et réduire l'index glycémique. Ces effets positifs ont augmenté la popularité et la consommation des nourritures à base d'orge, aussi bien que beaucoup d'autres nourritures a été enrichi avec β -glucane concentrées (Tosh, 2013).

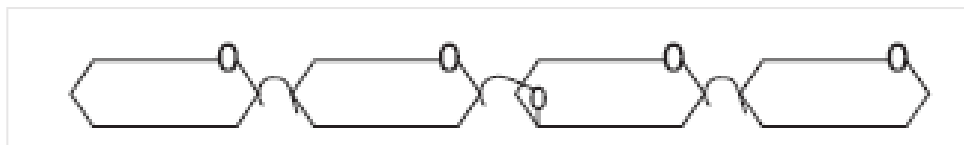


Figure 11. Structure schématique du β -glucane (Newman & Newman, 2008)

9.2 Amidon

L'amidon est un α -glucane composé de deux polymères de glucose : amylose et amylopectine. Les deux polymères sont composés de résidus glucosyliques.

Dans le cas normal, l'endosperme d'orge comme dans d'autres organes de stockage de la plante, le rapport de l'amylopectine, amylose est fixe dans des limites assez étroites. Cependant, certains mutants d'orges ont des rapports très différents (Zhang & Li, 2009).

Les granules d'amidon sont synthétisés dans les amyloplastes. Dans le grain d'orge chaque amyloplaste contient un granule. L'orge a deux types de granules, les granules lenticulaires et les sphériques plus petits qui composent environ 90% du montant total des granules (Eriksson & Eriksson, 2012). Ces granules ont une structure composée d'une alternance des anneaux de croissances amorphes et l'anneau de croissance semi-cristallin. La lamelle cristalline comprend la structure de α -spirale de l'amylopectine et la lamelle amorphe comprend les points de branchement de l'amylopectine (Figure 12).

L'amidon, polysaccharides de la paroi cellulaire, passaient non digérés par le petit intestin, ce sont des importants composants de fibres diététiques en nutrition humaine ; réduisant les risques de maladies cardiovasculaires et du diabète de type II (Macpherson, 2005).

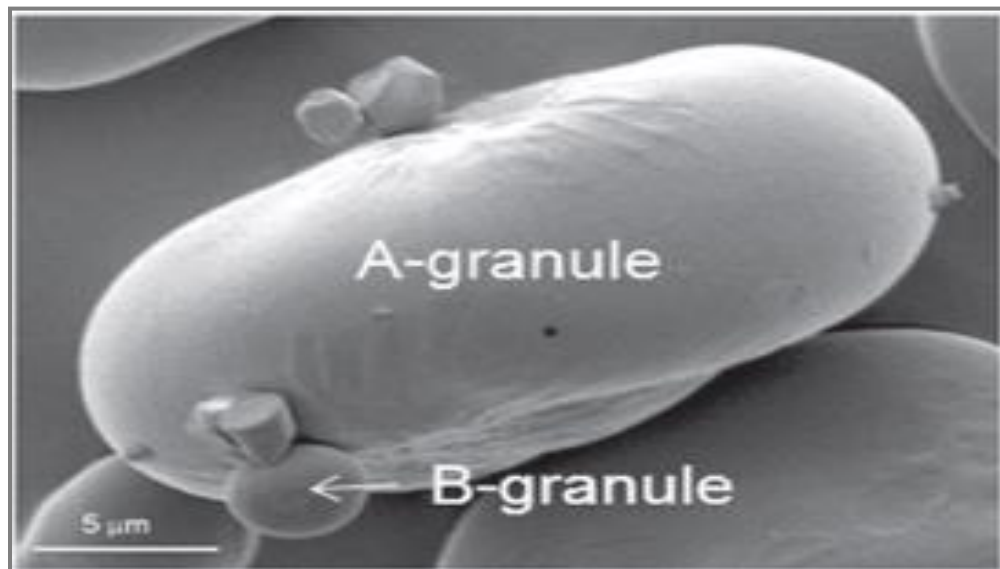


Figure 12. Structure des granules d'amidon d'orge. L'amidon de l'orge se compose de grands granules en formes de disques (granule **A**), et un plus petit, proche-sphérique (granule **B**). (Shewry & Ullrich, 2014)

9.3 Sucres

Le grain d'orge contient des niveaux bas de sucres simples et des oligosaccharides en plus des composants d'amidon. Le glucose et le fructose (monosaccharides) sont les hydrates de carbone les plus simples, se produisant aux niveaux très bas (<0.2%) et sont trouvés principalement dans l'endosperme mûr. Un peu de maltose, est parfois trouvé dans le tissu d'endosperme d'orge près de l'embryon (Messia et al., 2019).

Le saccharose est le sucre simple présent majoritairement dans le grain d'orge. Ils servent de source d'énergie pour le développement du germe et sont donc présents en plus grande quantité (6- 9% MS) suites aux hydrolyses ayant lieu lors du processus de maltage. La cellulose est présente à 4-5% MS et située exclusivement dans les enveloppes. Il s'agit d'un polymère de D-glucose lié en β -(1-4) qui n'est pas dégradé par les enzymes lors du maltage et demeure ainsi insoluble au brassage (Hugo, 2017).

9.4 Protéines

Le niveau de protéines dans l'orge est fortement variable, s'étendant de 7 à 25% selon une grande étude de l'USDA impliquant plus de 10.000 génotypes (Ulrich, 2002). Les protéines se produisent sous beaucoup de formes au grain d'orge, étant responsable des fonctions structurales, de l'activité métabolique, et fournir de l'azote à l'embryon lui permettant de se développer à la germination. La teneur en protéines des grains d'orge varie avec les conditions de croissance en particulier avec le taux et la synchronisation de fertilisation azotée (Beillouin, 2018).

9.5 Lipides

Les lipides sont situés dans tout le grain d'orge et sont classifiés dans deux catégories : Lipides sans amidon et lipides d'amidon. Les lipides sans amidon incluent tous les lipides autres que ceux des granules d'amidon d'intérieur (Jilal, 2011). L'orge contient en moyenne 3,5% MS de lipides principalement des acides gras, retrouvés dans la couche à aleurones. Les principaux sont les acides linoléiques (52%), oléiques (28%), palmitiques (11%) et, en petite quantité, stéarique et myristique (Hugo, 2017).

9.6 Vitamines

L'orge contient une gamme de vitamines B qui agissent en tant que cofacteurs ou groupes prosthétiques dans différentes réactions de métabolisme animal et microbien.

L'orge contient le plus haut niveau de l'acide nicotinique de toutes les céréales. Les vitamines B-complexes sont concentrées dans diverses parties du grain d'orge :

- ✚ L'acide nicotinique est concentré dans la couche d'aleurone, en petite quantité dans le péricarpe.
- ✚ La pyridoxine est également concentrée dans la couche d'aleurone, avec une faible proportion dans le péricarpe et dans le scutellum.
- ✚ Enfin l'acide pantothénique est concentré dans la couche d'aleurone et l'endosperme (Newman & Newman, 2008).

9.7 Micronutriments

Le grain d'orge est une source de micronutriments pour la nutrition humaine. Il contient des éléments nutritionnellement importants, y compris le fer et le zinc, déficients dans beaucoup de régimes alimentaires humain, deux milliards de personnes souffrent de carences en ces microéléments précités (FAO, 2017). Le fer est situé en grande partie dans le péricarpe, dans l'embryon, et le reste dans l'endosperme, Le zinc, le cuivre, et le manganèse ont presque les mêmes distributions, situées dans l'embryon (y compris la plumule, la radicule, et le scutellum) ainsi que dans l'aleurone (Figure 13).

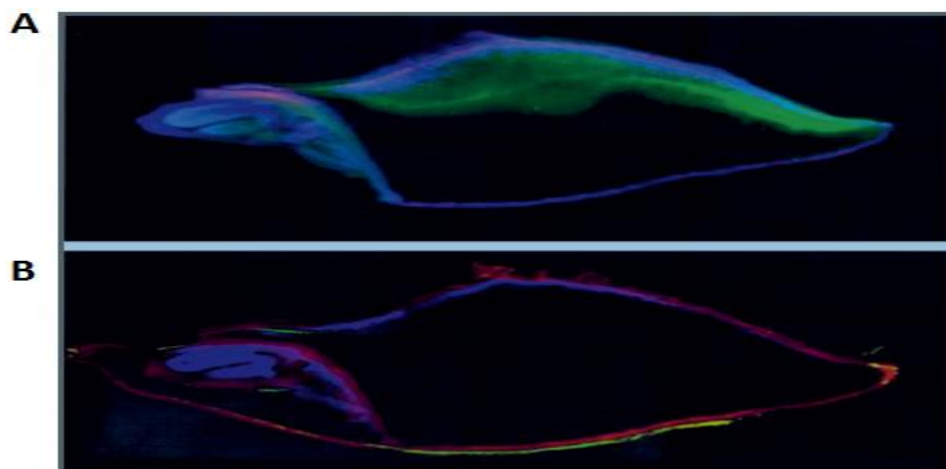


Figure 13. Cartes tricolores de distributions des minéraux du grain d'orge, déterminés par rayon X. A : Fe (rouge), Cu (vert) et Zn (bleu). B : K (rouge), Ca (vert), et manganèse (bleu). (Shewry & Ullrich, 2014).

10 Constituants enzymatiques

Les enzymes sont des protéines majoritairement incluses dans les albumines et les globulines. Il en existe une certaine proportion dans l'orge mais pas suffisamment pour permettre l'hydrolyse des différentes matières. C'est lors du maltage que la majorité des enzymes seront sécrétées, Figure 14.

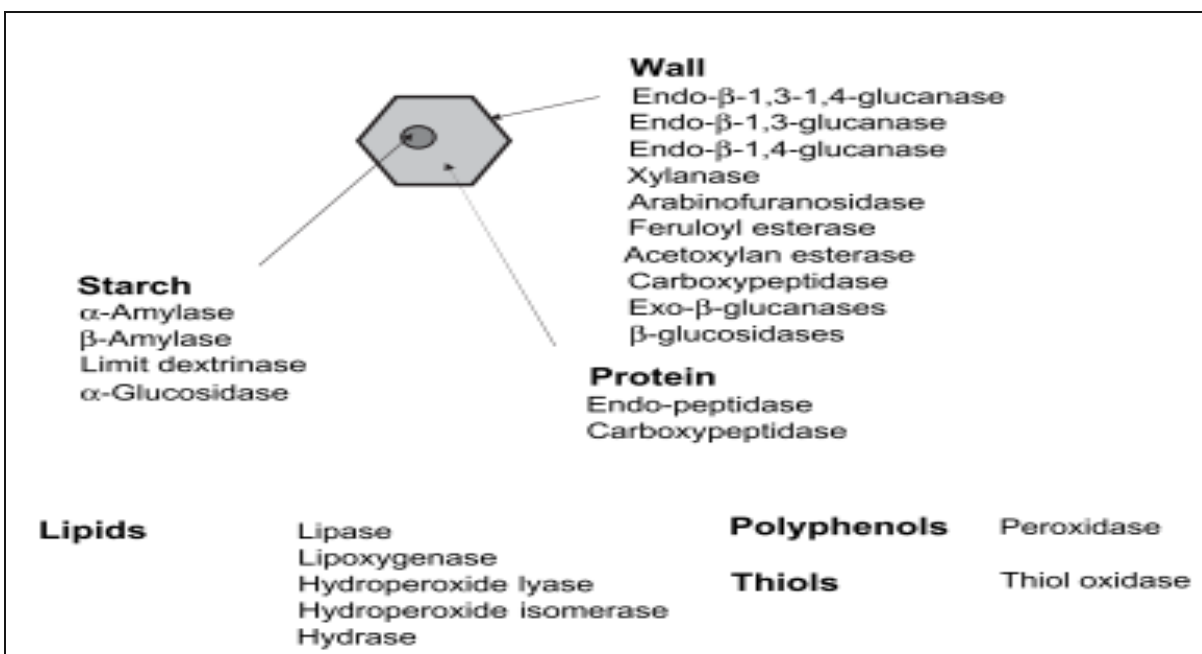


Figure 14. Enzymes clés du maltage (Briggs & Boulton, 2004)

11 Indicateurs de qualité de l'orge brassicole

La pureté variétale est un facteur clé. C'est ainsi que l'orge brassicole doit donner un maximum de rendement en extraits solubles, pouvoir produire un maximum d'enzymes (pouvoir diastasique), avoir un type d'amidon se désagrégeant bien et ne pas contenir de composés indésirables (b-glucanes, tannins et polyphénols, anthocyanogènes, certaines protéines...). De ce fait, des critères définissant la qualité brassicole permettent de comprendre que toutes les orges ne sont pas utilisables pour faire une bière de qualité (Palmer, 2014)

11.1 Pureté variétale

Un malt de qualité doit être homogène, il doit donc être constitué de grains tous au même stade de modification ce qui n'est possible qu'en travaillant sur un lot de variété pure. ("Un malt de qualité = un malt de variété") (Austran, 1994).

11.2 Rendement en extrait hydrosoluble

Cet extrait détermine le rendement au maltage, la fraction du malt qui va passer dans le moût et constituer les substrats de fermentation pendant le brassage.

11.3 Pouvoir diastasique

C'est la capacité de transformer l'amidon en sucres simples fermentescibles. Les orges d'hiver présentent un pouvoir diastasique plus élevé que les orges de printemps. (Austran, 1994).

11.4 Teneur en protéines

Les protéines sont indispensables à la nourriture des levures (après hydrolyse en acides aminés), les protéines ne doivent surtout pas être présentes en quantité trop élevée car elles perturberaient la plupart des étapes de la brasserie et peuvent compromettre la saveur de la bière (Fox & *al.*, 2009).

11.5 Calibre

Il répond en fait à une exigence physique: plus le grain est gros et rond, plus il contient d'amidon et moins sa teneur en enveloppes et en protéines est élevée (Briggs & Boulton, 2004).

11.6 Couleur

La température à laquelle on portera l'orge en fin de maltage (séchage et touraillage) influe considérablement sur la couleur de la bière (qui peut passer de très jaune à très ambré et à très brun), mais la variété d'orge joue également un rôle dans cette caractéristique.

12 Le maltage

Le malt est l'ingrédient de base utilisé dans la production des boissons non alcoolisées, pour les préparations des aliments des bétails et particulièrement pour la production de la bière. Le malt fournit la majeure partie de l'amidon, les enzymes et les protéines qui sont nécessaires pour donner à la bière sa teneur en alcool et sa saveur distinctives. La qualité de malt est, donc, essentielle. L'orge est d'abord nettoyée et calibrée. Tous les grains ayant 2.5 mm et plus sont alors prêts à être maltés. Le processus de maltage comprend plusieurs étapes, les grains d'orge matures sont imprégnés ou trempés pour leur permettre de s'imprégner d'eau. Ensuite, les grains sont commencés à germer. Au cours de germination l'amidon à l'intérieur de l'endosperme sera hydrolysé par les α -amylases où l'embryon commence à se développer. Le malt modifié et touraillé fournit la matière première pour la fermentation. Le procédé de maltage permet de passer d'une matière première dont les réserves sont difficiles à exploiter pour la fabrication de la bière à une matière intermédiaire "le malt"; qui est farineux et très adapté à la fermentation (Ajib, 2018).

12.1 La trempe

La trempe consiste à hydrater uniformément la masse de l'endosperme et permettre une croissance uniforme pendant la germination. Elle commence par mélanger les grains d'orge avec de l'eau pour augmenter le niveau d'humidité et activer les processus métaboliques du noyau en dormance.

La trempe est composée d'une séquence de phases dites sous-eau (water-reste WR) et sous-air (air-reste AR). Pendant les phases sous-eau, les grains sont immergés dans l'eau pour assurer la diffusion d'eau à l'intérieur des grains. Pendant les phases sous-air, les cuves de trempe sont vidées et aérées pour fournir l'oxygène nécessaire au grain et éliminer le CO₂ (Collins *et al.*, 2016). L'eau passe d'abord dans l'embryon, ensuite il se répand dans les autres parties du grain. L'absorption d'eau dépend du temps de trempe, de la température, du volume du grain, de la variété et des propriétés physiologiques. La variété d'orge et l'année de culture ont également un effet important

sur l'absorption d'eau (Fox *et al.*, 2009). Pendant cette étape, les enzymes sont donc synthétisées et la migration commence, conduisant à la deuxième étape: la germination.

12.2 La germination

Lors de la germination de l'orge, l'embryon va se développer en puisant dans sa réserve d'énergie qu'est l'endosperme. Cette réserve va permettre à la plante de se développer jusqu'à ce qu'elle soit en mesure de photosynthétiser. Cependant, l'amidon n'est pas si aisément accessible, c'est pourquoi il y a une production importante d'enzymes lors de cette étape qui vont permettre de dégrader les macromolécules afin de les rendre utilisables par l'embryon.

L'étape de germination peut être divisée en 3 processus: la synthèse d'enzymes, les changements métaboliques et la croissance de la plante. Pendant la germination (1) l'embryon de grain excrète un facteur de croissance (Gibbérinique acide GA) qui (2) s'oriente vers l'aleurone et (3) induit la formation des enzymes telles que (α -amylases et dextrinases). Les β amylases existent déjà dans l'endosperme. (4) Ces enzymes sont nécessaires pour dégrader les grandes molécules dans l'endosperme et les faire migrer vers l'embryon en profitant de l'eau absorbée (figure 15). Les enzymes les plus importantes du malt sont les β -glucanases et les amylases qui sont responsables de la dégradation de l'amidon. (Palmer, 2014)

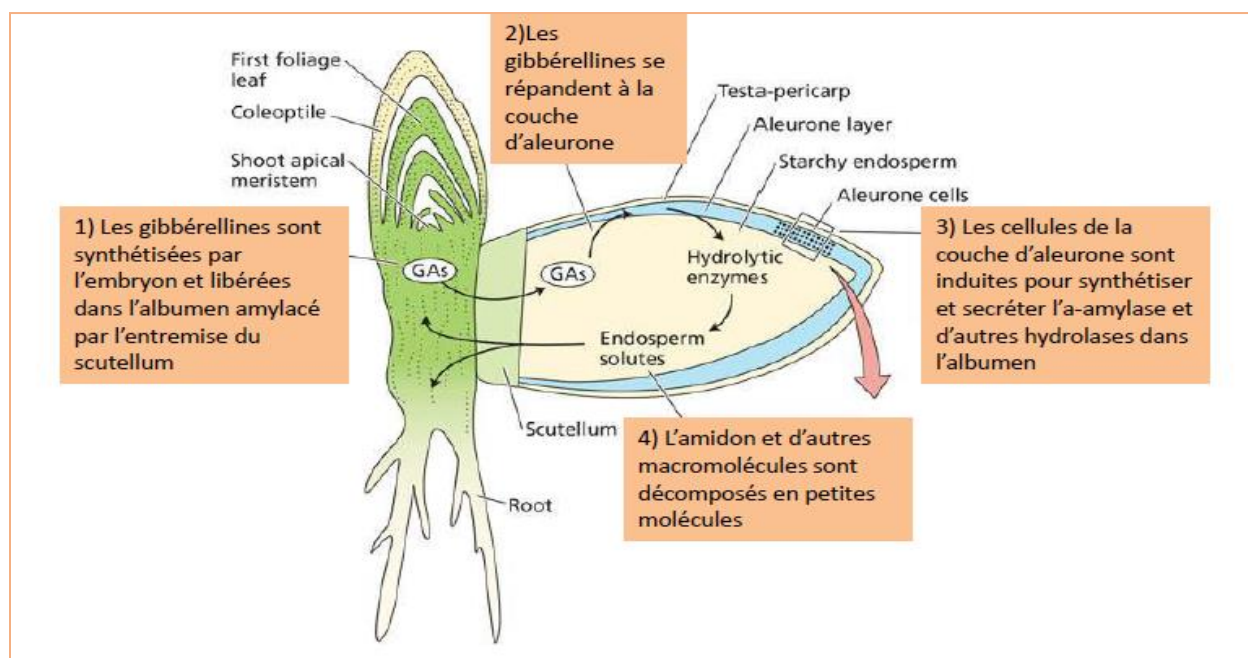


Figure 15. Structure d'un grain d'orge en germination et les processus biochimiques qui se produisent au cours (Ajib, 2018)

12.3 Le touraillage

Le touraillage est appliqué sur l'orge germée pour éviter une transformation excessive et limiter les pertes. Obtenir un malt stable et conservable requière la réduction de la teneur en eau de 40% à 5%. Cette étape arrête tout signe de vie et d'activité enzymatique dans le grain.

Au cours du touraillage un courant d'air chaud passe dans le malt pour éliminer l'eau. La qualité du malt est fortement liée au temps et à la température de touraillage (Liu *et al.*, 2018).

13 Résistance de l'orge aux agents pathogènes, cas de la tache réticulée

L'orge en dépit de son importance économique considérable est soumise à diverses contraintes abiotiques et biotiques. Ces contraintes peuvent compromettre le rendement, la qualité nutritionnelle et la qualité du paramètre technologique requis pour une orge à malter. La création de nouvelles variétés résistantes aux principaux agents pathogènes qui infestent l'orge est plus que nécessaire.

La tache réticulée est une maladie foliaire majeure qui entrave la croissance de l'épiderme de l'orge et est largement distribuée dans la plupart des pays des régions productrices d'orge du monde (Jebbouj & Yousfi, 2010). Au Maroc, les pertes de rendement moyennes varient de 14 à 29% avec des variétés résistantes. Dépassant 39 % avec les variétés sensibles et de 56 % en absence de traitement fongicide.

13.1 Caractérisation de l'agent pathogène

13.1.1 Taxonomie

L'agent causal de la maladie des rayures réticulées est *Helminthosporium teres* (forme imparfaite) c'est une maladie fongique causée par *Pyrenophora teres* (Liu *et al.*, 2011). Ce champignon appartient à la classe des Deutéromycètes, ordre des Moniliales et famille des *Dematiaceae*.

13.1.2 Description de l'agent pathogène

Pyrenophora teres existe sous deux formes, *Pyrenophora teres f. sp. teres* cause la forme réticulée et *Pyrenophora teres f. maculata* qui donne la forme tachetée. Les deux formes présentent des symptômes différents sur les feuilles (Boungab, 2013).

Les spores de *Pyrenophora teres* sont brunes claires. Elles sont droites, cylindriques arrondies à deux extrémités et présentent une légère constriction au niveau des cloisons. Elles peuvent avoir jusqu'à sept ou huit cloisons mais en ont souvent quatre ou cinq et mesurent $60-125 \times 11-20 \mu\text{m}$.

13.1.3 Cycle de vie de l'agent pathogène

Les contaminations primaires peuvent avoir comme origine les semences, les repousses d'orge et certaines graminées adventices, ainsi que les débris de pailles. Les deux dernières constituent les principales sources d'inoculum. Le champignon se conserve localement sur les pailles pendant environ deux ans sous forme de chlamydospores et de périthèces. Les conidies formées à partir des chlamydospores à l'automne sont responsables des attaques primaires sur feuilles. Le cycle de vie de l'agent pathogène est décrit dans la figure 16.

Pyrenophora teres se conserve également dans les semences, sous forme de mycélium. Les semences pourront donc jouer un rôle fondamental dans l'extension de la maladie à de nouvelles zones. Après avoir provoqué la nécrose du tissu contaminé, le champignon produit des spores qui vont être disséminées par le vent, provoquant ainsi de nouvelles contaminations (Taylor & Tekauz, 2009).

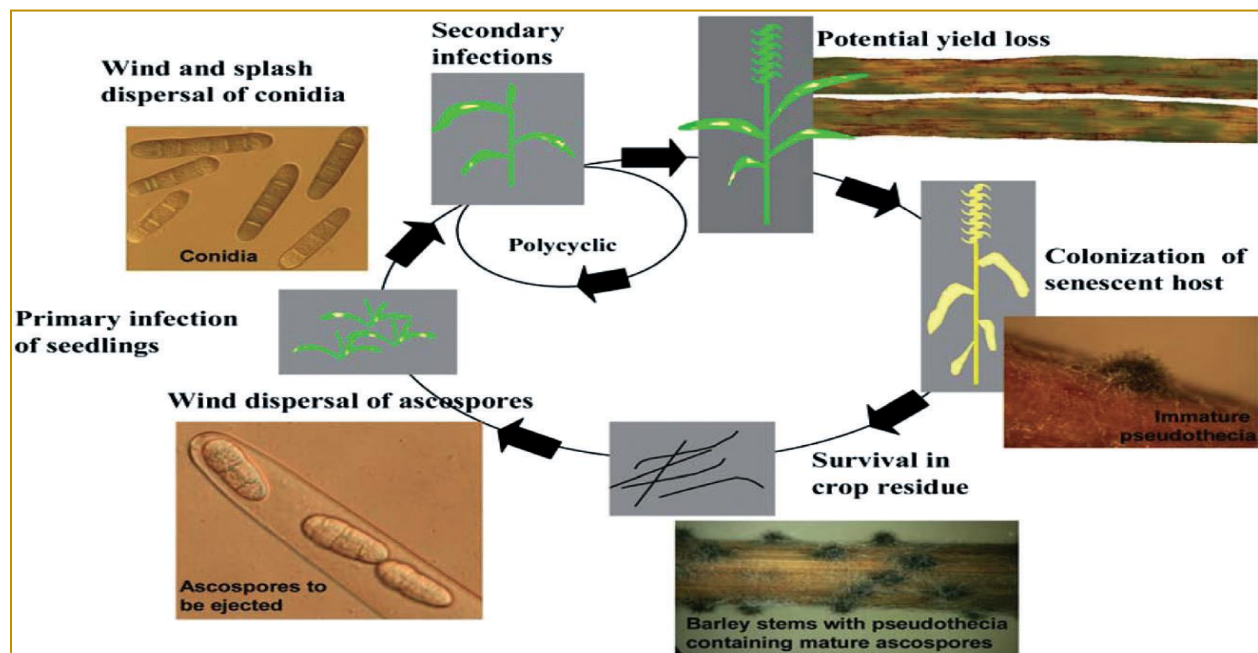


Figure 16. Cycle de vie de *Pyrenophora teres* f. *teres* et *P. teres* f. *maculata* (Liu et al, 2011)

Partie 2

Matériels et méthodes

1 Matériel végétal

Un total de 65 génotypes dont 61 lignées avancées d'orge d'hiver à deux rangs et 4 variétés marocaines ont été utilisées dans le cadre du programme d'amélioration génétique d'orge d'hiver de l'ICARDA-Maroc. Les essais ont été menés à la station d'expérimentation Annoceur à Séfrou, avec deux répétitions aux champs selon un Alfa Lattice Design.

Les génotypes sont issues de deux essais différents ;

- a) L'essai 1 contient 36 génotypes, c'est un essai de rendement de l'orge.
- b) L'essai 2 contient 25 génotypes, dont des lignées améliorées ayant de bonnes performances l'année précédente (2017) et des populations locales sélectionnées la même année sous une sécheresse sévère. Cet essai est conçu pour les montagnes Marocaines.

2 Méthodologie

Des analyses non destructives ont été réalisées sur tous les génotypes pour déterminer ; le poids de 1000 grains, calibre du grain, poids à l'hectolitre, humidité de l'orge, protéines totales et la teneur en amidon.

Des échantillons de grains d'orge (100 g chacun) de chaque génotype provenant des deux essais ont été micro-maltés par micro-maltage automatique.

Le malt ainsi obtenu à partir de chaque génotype a été analysé par la méthode non destructive pour en déterminer ; La capacité germinative, Friabilité, humidité du malt et le rendement en extrait de malt.

Ensuite, sur la base des résultats des analyses précédentes 30 génotypes (dont 20 dans l'essai 1 et 10 dans l'essai 2) ayant les potentialités pour des caractéristiques de qualité importantes ont été sélectionnés pour des analyses plus poussées dites destructives (teneur en beta glucanes de l'orge et du malt, l'activité alpha-amylasique et la teneur en acides aminés libres).

3 Caractérisation agro morphologique

3.1 Paramètres physiques du grain

Les caractères morphologiques étudiées sur le grain sont ; la surface, le périmètre, la longueur et la largeur qui sont des paramètres agro morphologiques importantes. Les mesures sont déterminées à l'aide du logiciel Grainscan (figure 17). Le Grainscan permet de déterminer les dimensions pour chaque grain de l'échantillon par analyse de l'imagerie.

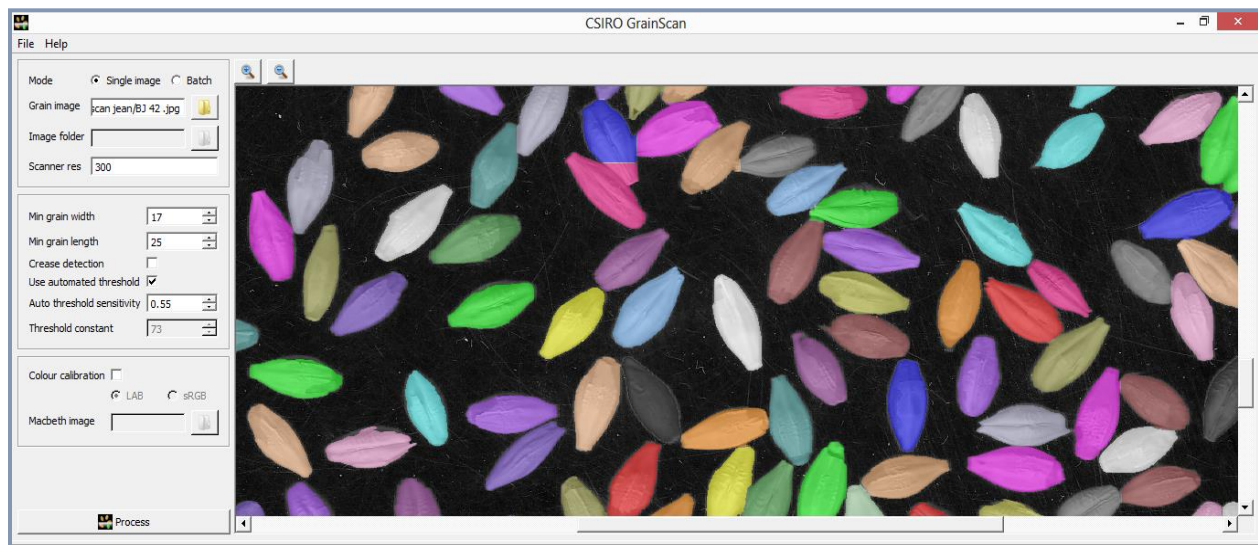


Figure 17. Echantillon d'orge analysé par le logiciel 'Grainscan'

3.2 Poids de 1000 grains

Le poids de 1000 grains donne une information sur l'état de remplissage du grain. Plus le poids de 1000 grains est élevé, plus la proportion d'amidon est importante au sein du grain et plus l'extrait potentiel est élevé. L'évaluation se fait ainsi, les échantillons scannés (Scanner normal) sont pesés et les grains sont comptés à l'aide du logiciel "Grain Scan". Par extrapolation on calcule le poids de 1000 grains par la formule suivante.

$$P1000 = \frac{P \times 1000}{N}$$

P1000 : Poids de 1000 grains

P : Masse des grains pesés

N : Nombre de grains compté

3.3 Paramètres de couleur

La couleur du grain d'orge peut varier de jaune-clair à pourpre, violet, bleu et noir, qui est provoqué par le niveau des anthocyanines dans la couche de coque, de péricarpe et/ou d'aleurone (Jilal, 2011). Le Grainscan permet de déterminer la couleur des grains par analyse de l'imagerie de l'échantillon.

4 Analyse par la Spectroscopie NIR

La spectroscopie dans le proche infrarouge est une technique rapide et non destructive (basée sur la spectroscopie vibratoire) pour l'étude de nombreux systèmes chimiques à constituants multiples. Il couvre la gamme de longueurs d'onde adjacente à l'infrarouge moyen et s'étend jusqu'à la région visible (4000 à 12500 cm^{-1}) (Figure 18). Les bandes d'adsorption présentées dans les spectres NIR sont principalement dues aux vibrations de trois groupes fonctionnels, à savoir $-\text{CH}$, $-\text{NH}$ et $-\text{OH}$. Les principaux avantages du proche infrarouge sont une préparation d'échantillon réduite, des données en temps réel. L'instrumentation NIR est simple à utiliser et aucun produit chimique n'est utilisé ou généré. D'autre part, la présence d'harmoniques rend les données spectrales NIR complexes et non directement interprétables. Il faut donc des techniques chimio métriques pour extraire des informations significatives des spectres. Dans le cadre de ce travail, une méthode d'étalonnage à plusieurs variantes, PLS a été utilisée.

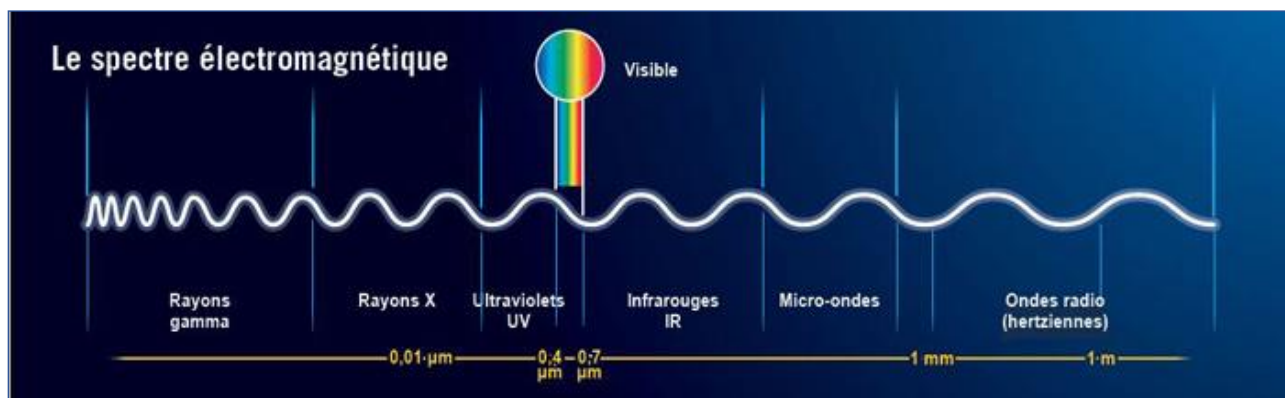


Figure 18. Spectre électromagnétisme

4.1 Poids à l'hectolitre

Le poids à l'hectolitre (PHL) se définit comme le poids de grains remplissant un volume donné, résultant de la densité du grain et de l'efficacité de conditionnement. Le PHL est utilisé depuis des décennies comme critère de qualité et reste employé dans nombre de pays pour déterminer le prix. Le PHL est influencé par plusieurs facteurs environnementaux, comme des températures durablement élevées pendant la phase de remplissage du grain, des précipitations avant la récolte et une pression de maladies élevée (Kleijer & Schwaerzel, 2007).

Le PHL a été mesuré à l'aide d'un Granomat de type Pfeuffer (Figure 19).



Figure 19. Granomat Pfeuffer, détermination du poids à l'hectolitre des génotypes

4.2 Humidité

Le séchage est important, il protège l'orge contre les infestations et une meilleure stabilité de l'orge face aux modifications métaboliques. Il permet aussi de lever plus rapidement la dormance, améliorant l'homogénéité de la germination. L'humidité des échantillons d'orges a été mesurée par infrarouge dans un appareil « Grain analyser de type Foss » (Figure 20)

4.3 Evaluation de la qualité nutritionnelle de l'orge

4.3.1 Teneur en amidon

L'amidon, est considéré comme un polysaccharide soluble qui constitue la principale source d'énergie pour la croissance de la nouvelle plante après la germination. Ce dernier est dégradé en glucose sous l'action conjuguée de bêta-dextrinases et de l'alpha-amylase (Newman & Newman, 2008). La teneur en amidon des génotypes a été mesurée par méthode la spectroscopie proche infrarouge (NIRS). (Figure 20).



Figure 20. Systèmes FOSS Infratec du proche infrarouge

4.3.2 Teneur en protéines

La teneur en **protéines** est indispensable à la nourriture des levures (après hydrolyse en acides aminés), les protéines ne doivent surtout pas être présentes en quantité trop élevée car elles perturberaient la plupart des étapes de la brasserie. Par contre pour l'alimentation Humaine une teneur plus élevée en protéine est souhaitée.

Le taux de protéines a été mesuré par la méthode de spectroscopie proche infrarouge (NIRS: Near Infra-red Reflectance Spectroscopy) (Figure 21)



Figure 21. Appareil de mesure de la teneur en protéine par spectroscopie proche infrarouge (NIRS).

5 Evaluation Teneur en β -glucanes de l'orge par fluorimétrie, spectrophotométrie.

Les β -glucanes présents dans l'orge doivent être rendus solubles avant l'analyse par le système automatisé Skalar (Figure 22). La solubilisation des β -glucane de l'orge est réalisée par une dégradation partielle en utilisant une hydrolyse acide douce. Le calcofluor fluorochrome forme des complexes avec les β -glucanes- ayant un poids moléculaire élevé (au-dessus de 104 daltons) en solution suite à laquelle une augmentation de l'intensité de la fluorescent Colorant Calcofluor se produit. La fluorescence calcofluor est contrôlée dans un système automatique basé sur l'écoulement d'injection de l'analyse principale, la quantification reproductible de la fluorescence et donc de β -glucane peut être obtenue. L'appareil est calibré par rapport aux normes en β -glucane pure [EBC 3.10.2].

La longueur d'onde d'excitation est de 365 nm et la longueur d'onde d'émission est de 425 nm.

« L'annexe 1 contient le protocole détaillé du dosage des bêta-glucanes ».

La teneur en bêta-glucane des échantillons est calculée à l'aide de la formule suivante.

Régression linéaire :

$$BL = A \cdot F + B$$

BL= Teneur en bêta-glucane en (mg/l)

A = Pente de la ligne de régression en (mg/l) par unité de fluorescence

B = Interception de la courbe d'étalonnage en (mg/l)

F = Mesure de fluorescence de l'échantillon

$$BS = \frac{BL \cdot V \cdot 10}{W \cdot (100 - M)}$$

BS = Bêta-glucane glucane en pourcentage (m/m) de la matière sèche de l'échantillon

V = Volume d'extraction en ml

M = Teneur en humidité en pourcentage (%) W = Masse de l'échantillon en mg

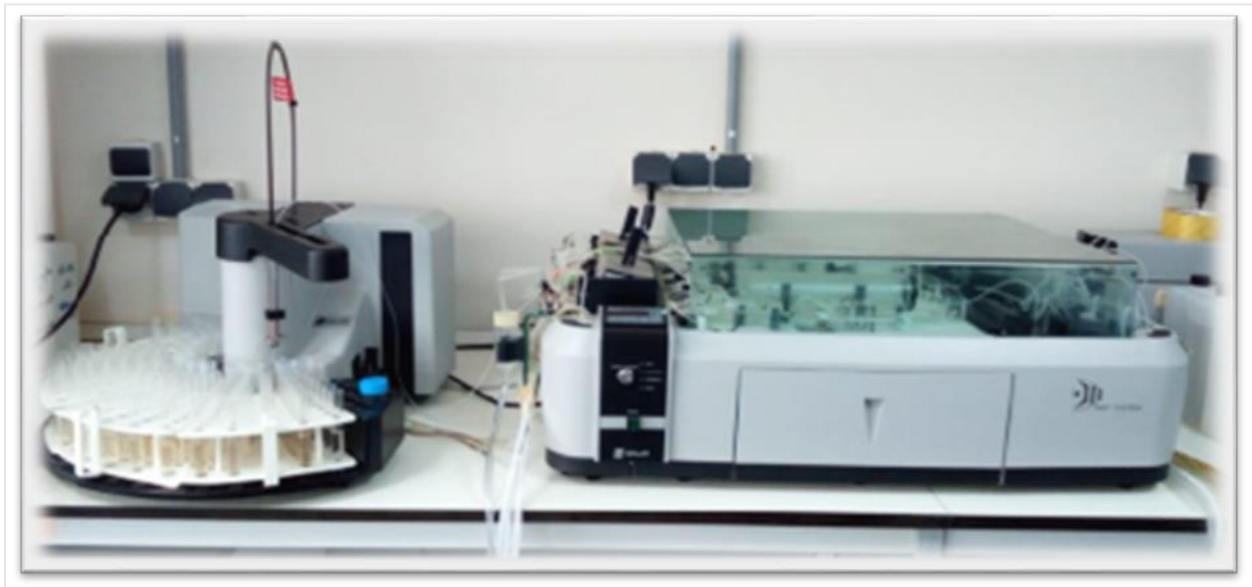


Figure 22. Système automatisé SKALAR

6 Calibrage des grains (Paramètre technologique)

L'orge est calibrée à l'aide de tamis de 2.2mm, 2.5mm et 2.8mm afin de déterminer les pourcentages de chaque fraction. Le calibrage est réalisé en suivant la méthode EBC 3.11.1.

On pèse $100\text{g} \pm 0.01\text{g}$ par échantillon sur un calibreur de type *Sortimat* (Figure 23). Les grains plus gros donneront plus d'extrait proportionnellement à leur taille. Les différentes fractions sont ensuite examinées en suivant la méthode EBC 3.11.2 afin de déterminer la composition du lot. Les grains cassés diminuent le rendement et augmentent le risque de développement de moisissures tandis que les graviers et métaux abîment le matériel.

Calibre A = grains $> 2.8\text{ mm}$; Calibre B $> 2.5\text{ mm} < \text{grains} < 2.8\text{ mm}$; Calibre C $< 2.5\text{ mm} < \text{grains} > 2.2\text{mm}$; Calibre D = grains $< 2.2\text{ mm}$.



Figure 23. Echantillon d'orge tamisé, dans un tamiseur électrique de type Sortimat

7 Micro maltage

Le maltage a été réalisé dans la micro malterie de l'ICARDA de Rabat. Les échantillons de grains d'orge après avoir été tamisé comme décrit précédemment, cent grammes (100 g) des portions supérieures à 2.5 mm de chaque génotype ont été maltées à l'aide d'un système de micro-maltage automatique « M/s Phoenix System®, Australie » (figure 25). Le protocole du micro-maltage :

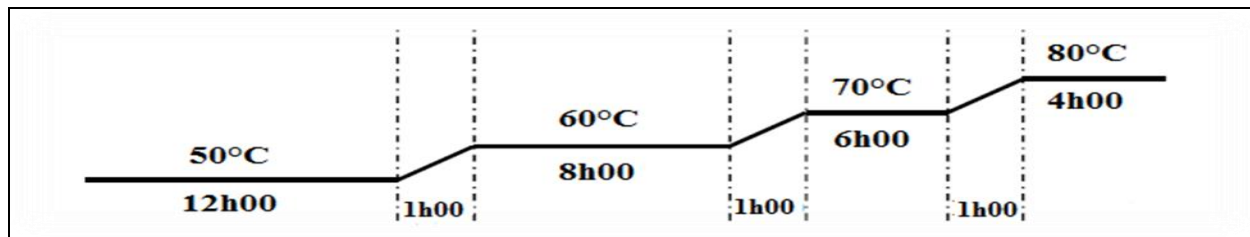


Figure 24. Protocole de touraillage utilisé

Un trempage de 16 heures, une germination de 96 heures et un touraillage de 30 à 33 heures. Le cycle de température du touraillage est représenté sur la figure 24.

La machine comprend 24 conteneurs de 4 compartiments, on a réalisé deux cycles de micro-maltage.



Figure 25. Système automatique de micro-maltage

7.1 Indice germinative

La mesure de l'indice de germination a pour but de déterminer la capacité germinative des grains. La capacité germinative a été mesurée après 72 heures au cours du maltage (figure 26).



Figure 26. Containers des échantillons d'orge germés après 72 heures

100 grains sont retirés aléatoirement de l'échantillon. On exprime alors le pourcentage des grains germés par rapport au nombre total de grains prélevés.

8 Evaluation de la qualité des paramètres technologiques du malte

8.1 Friabilité du malt

La mesure de la friabilité mesure le potentiel de désagrégation physique du grain selon [EBC4.15]. On soumet 50 g de grains de malt à une érosion mécanique dans un tambour grillagé rotatif standardisé pendant 8 minutes. Les petits fragments de grains physiquement modifiés passent à travers le grillage alors que les plus gros fragments sont retenus (Figure 27).



Figure 27. Friabilimètre Pfeuffer

La masse de grains non modifiés A, retenue dans le tambour après 8 min est déterminée et la friabilité en est déduite par le calcul :

$$\text{Friabilité}(\%) = 100 - (2 * A)$$

8.2 Activité alpha-amylasique du malt

La procédure automatisée pour la détermination l'activité α -amylasique est basée sur la réaction suivante ; L'extrait de malt est dilué avec une solution tampon, l'échantillon est mélangé avec

un substrat de dextrine limite et incubé pendant 10 minutes à 35 °C. L'échantillon est ensuite mélangé à une solution d'iode et le taux de dégradation de la dextrine est mesuré par colorimétrie. La diminution de l'absorbance est mesurée à 610 nm.

L'ensemble de ces analyses (Acides aminés libres et l'activité alpha amylasique) sont réalisées dans le système automatisé "SKALAR" (figure 22) et leurs protocoles sont respectivement détaillés dans les annexes 1,2 et 3.

8.3 Acides aminés libres

La procédure automatisée pour la détermination de la teneur en acides aminés libres (FAN) est basée sur la méthode de la ninhydrine. Les acides aminés sont décarboxylisés avec la ninhydrine, l'ammoniac sera également libéré. La ninhydrine réduite réagit avec la ninhydrine non réduite et l'ammoniac en un colorant bleu-jaune mesurée à 570 nm. L'addition d'iodate de potassium arrête la réaction et évite les réactions d'interférences.

Pour calculer le teneur en acides aminés libres des génotypes, on utilise la formule suivante ;

$$FAN(\frac{mg}{litre}) = \frac{A1 \cdot 2 \cdot d}{A2}$$

A₁= absorbance de la solution d'essai à 570 nm dans une cellule de 10 mm de diamètre

A₂ = absorbance moyenne de la solution standard à 570 nm dans une cellule de 10 mm de diamètre

d = facteur de dilution (100 si la dilution était de 1 ml à 100ml)

9 Evaluation de la résistance au net blot

9.1 Matières végétales

Au total, 58 génotypes ont été semés, afin d'évaluer leur résistance à la maladie. Ces génotypes sont ceux sur lesquels on a effectué les analyses de la qualité. Les génotypes d'orge ont toutes été évalués en utilisant un isolat de *P. teres f. maculata* provenant de la banque de souches du Laboratoire de Phytopathologie de L'ICARDA. Les réactions à la maladie ont été évaluées un mois après l'inoculation en utilisant une échelle d'évaluation de 1 à 4 Cette échelle permet de catégoriser l'action de la maladie en fonction de la taille et des caractéristiques de la lésion (Figure 27).

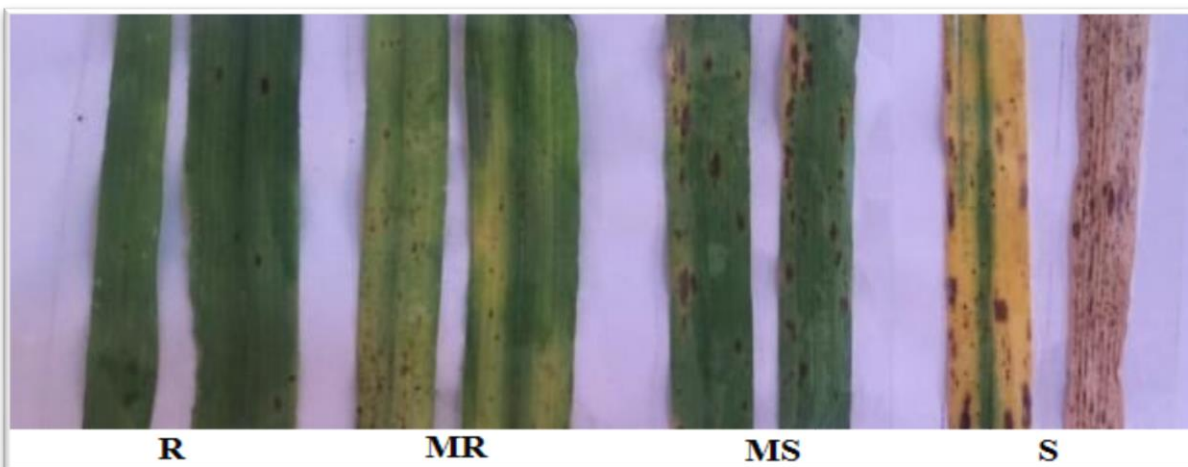


Figure 28. Échelle d'évaluation de la maladie de la tache réticulée sous forme de taches localisées. (R = Résistante ; MR = Modérément Résistante ; MS = Modérément sensible ; S = Sensible

9.2 Protocole

Les plantes ont été cultivées dans des plateaux au stade plantule. Des prélèvements de matières fraîches ont été faites pour l'identification de potentiels gènes de résistance au *P. teres f. maculata* chez les génotypes potentiellement résistants (Figure 29.b) « ces résultats ne seront pas présentés dans ce travail » car les échantillons ont été envoyés au Laboratoire de Biotechnologie Moléculaire de L'INRA, les résultats ne sont pas encore prêts. On a recueilli de l'isolat pur de la banque de souches du Laboratoire Physiopathologie de l'ICARDA, puis la multiplication sur Milieu V-8 PDCA. Une fois l'inoculum est prêt, on a fait une inoculation au stade adulte puis le phénotypage (figure 29).

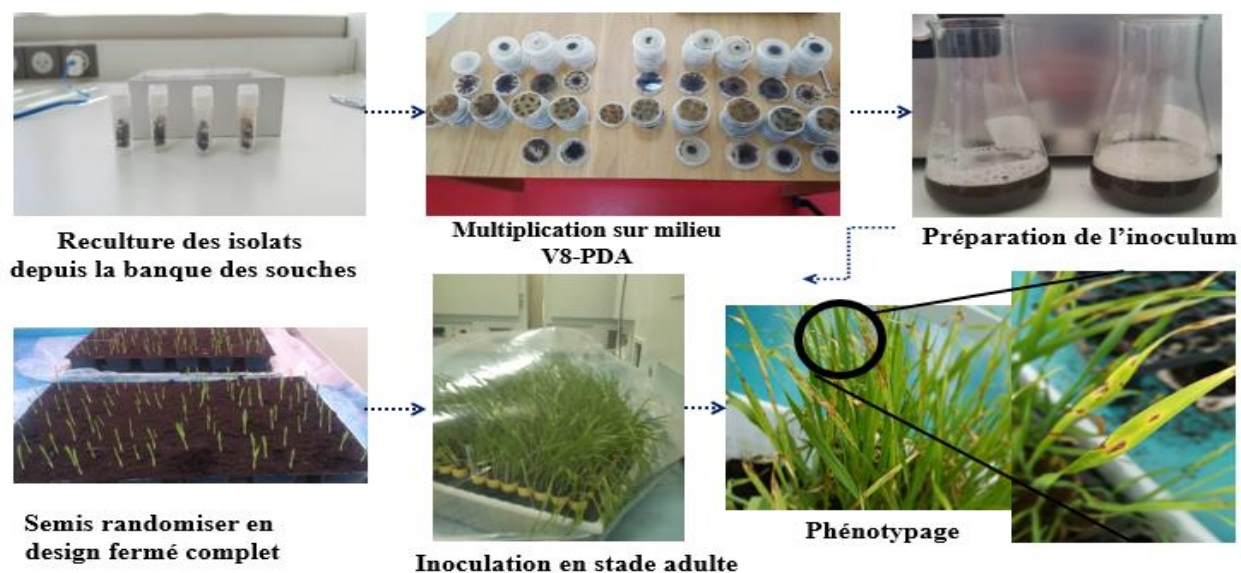


Figure 29. Matériel végétal et le protocole utilisé

10 Analyses statistiques

Toutes les déterminations ont été réalisées en double, les répétitions ont été faites aux champs. Les résultats sont exprimés par la moyenne $\pm$ erreur standard, les minima et les maxima. Les résultats ont fait l'objet d'une analyse factorielle au moyen du logiciel SPSS version 2018. Les différences sont considérées comme significatives à $p < 0,05$ et les graphes ont été réalisés par le logiciel prism7, version 9.1. Les résultats sont représentés sous formes d'histogrammes.

Partie 3

Résultats & Discussion

1 Valeurs références

Les différentes analyses dont les valeurs de références se trouvent dans le **tableau 2** ont été effectuées au niveau du Laboratoire d'analyses Qualités des Céréales et des Légumineuses de L'ICARDA du Maroc.

Des valeurs de références issues de différentes sources telles que : IFBM, Malteurs de France, Arvalis, EBC et (Ulrich, 2002)

Tableau 2. Valeurs de référence pour les différentes analyses

Analyses des paramètres	Orge pour l'alimentation		Orge à malter	
L'Orge	Seuil strict	Amplitude	Seuil strict	Amplitude
Humidité (%)	<12.0	10-14%	<12.0	10-13.5%
Tamissage				
Calibre AB (supérieur à 2.5mm)	80%	-	90%	85-95%
Calibre D (Inférieur à 2.2mm)	<3%	-	<3%	-
Poids de 1000 grains (g)	>40	-	>45	37-50
Teneur en protéines (%)	>12.5%	12-13 %	9.0-11.5%	8-11.5%
Capacité germinative (%)	-		>96%	94-98%
Teneur en b-glucanes (g/100g MS)	6-15%		<3%	-
Micronutriments (fer et Zn)	>40mg/kg		-	-
Le Malte				
Extrait de malt (minimum)	-	-	>82	75-80%
Protéines solubles	-	-	3.6-3.7%	3.5-4.7%
Protéine totale	-	-	-	9.5-11.5%
Teneur en alpha-amylase (U/ml)	-	-	>120	-
Viscosité du mout (mpas/s)	-	-	<1.5	-
Friabilité du malt (%)	-	-	>81%	78- 87%
Pouvoir diastasique (⁰ _{L.V.})	-	-	90-120	-

2 Caractérisation Agro-morphologique

Les moyennes, les minima et les maxima pour les paramètres du poids de 1000 grains, poids à l'hectolitre, surfaces du grain et la capacité germinative sont représentés dans le tableau 3.

Tableau 3. Paramètres agro morphologiques

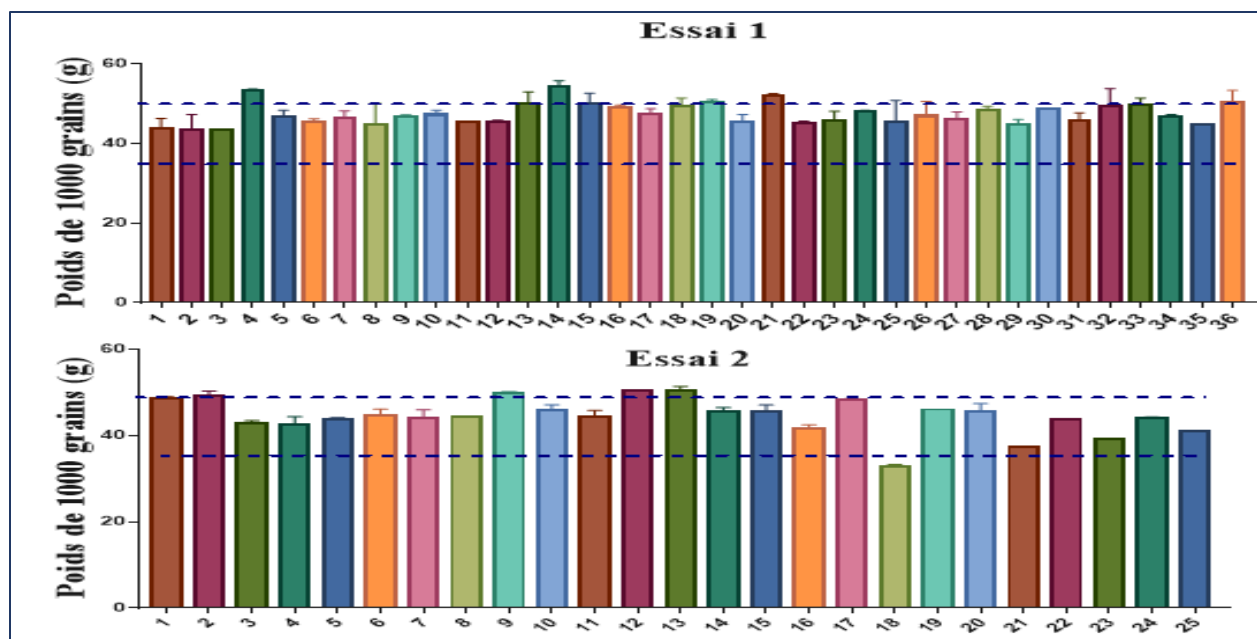
Paramètres agro morphologiques	Moyennes	Minimum	Maximum	P-Value
Essai 1				
Poids de milles grains (g)	47,54±0,27	46,99	48,10	0.0012**
Poids à l'hectolitre (kg/l)	34,65±0,30	34,03	37,27	0.013*
Aire (mm ²)	20,69±0,08	20,50	20,87	0.005**
Capacité germinative (%)	94,34±0,60	93,13	95,55	0,379 ^{ns}
Essai 2				
Poids de milles grains (g)	44,44±0,16	44,11	44,77	0.0001****
Poids à l'hectolitre (kg/l)	32,41±0,49	31,40	33,42	0,133 ^{ns}
Aire (mm ²)	19,83±0,07	19,68	19,98	0,0001****
Capacité germinative (%)	97,20±0,35	96,49	97,92	0,161 ^{ns}

Différence significative* ; Très significative*** ; Hautement significative**** Non significative ^{ns}

2.1 Poids de 1000 grains

Le test d'Anova uni factoriel a montré une différence très significative (p=0,0012) entre les génotypes pour le poids 1000 grains dans l'essai 1, la différence a été hautement significative (p<0,0001) entre les génotypes de l'essai 2.

Les poids de 1000 grain des génotypes sont représentés par des histogrammes sur la figure 30.



2.2 Poids à l'hectolitre

Une différence significative a été observée ($p=0,013$) le poids à l'hectolitre dans l'essai n°1 selon les résultats du test d'Anova uni varié. La différence entre les génotypes de l'essai n°2 a été non significative ($p=0,12$). Les poids à l'hectolitre des génotypes sont représentés par des histogrammes sur la figure 31. « Les deux traits représentent le seuil d'acceptabilité ».

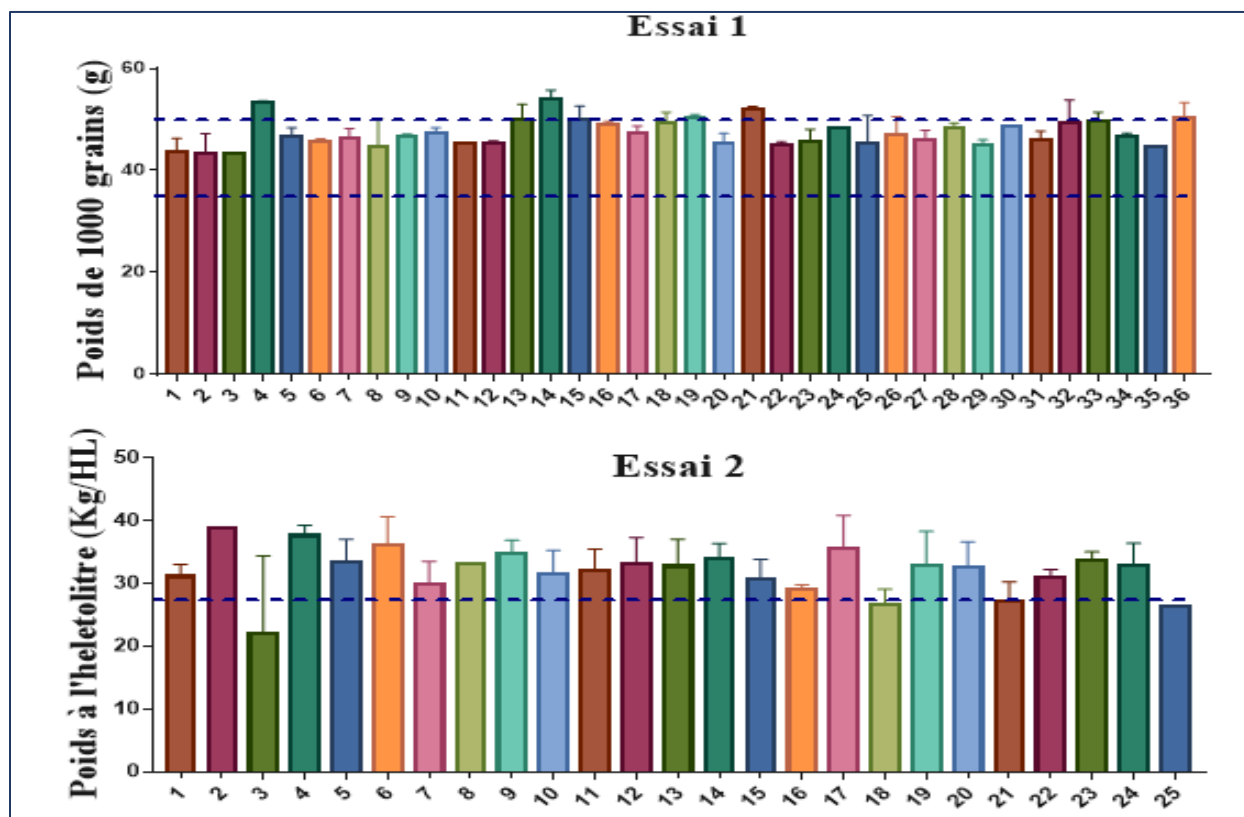


Figure 31. Poids à l'hectolitre des génotypes

2.3 Aire

Le test d'Anova avec un seul facteur a montré l'existence d'une différence très significative ($p=0,005$) entre les génotypes de l'essai n°1 et une différence hautement significative ($p<0,0001$) entre le génotype de l'essai n°2.

Les valeurs de la surface du grain de chaque génotype sont représentées par des histogrammes sur la figure 32.

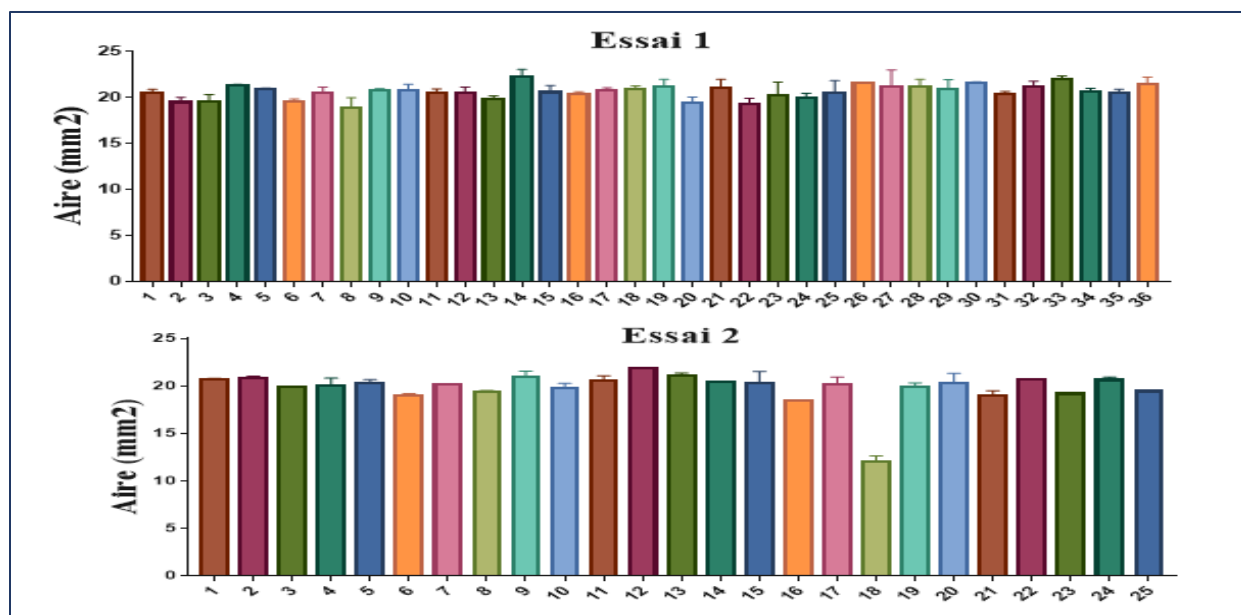


Figure 32. Aires du grain des différents génotypes

2.4 Capacité germinative

Les résultats du test d'Anova à un seul facteur ont montré des différences non significatives entre les génotypes des essais 1&2 avec un p-value respectif de 0,379 pour l'essai 1 et 0,161 pour l'essai 2. Les capacités germinatives de chaque génotype sont représentées par des histogrammes sur la figure 33.

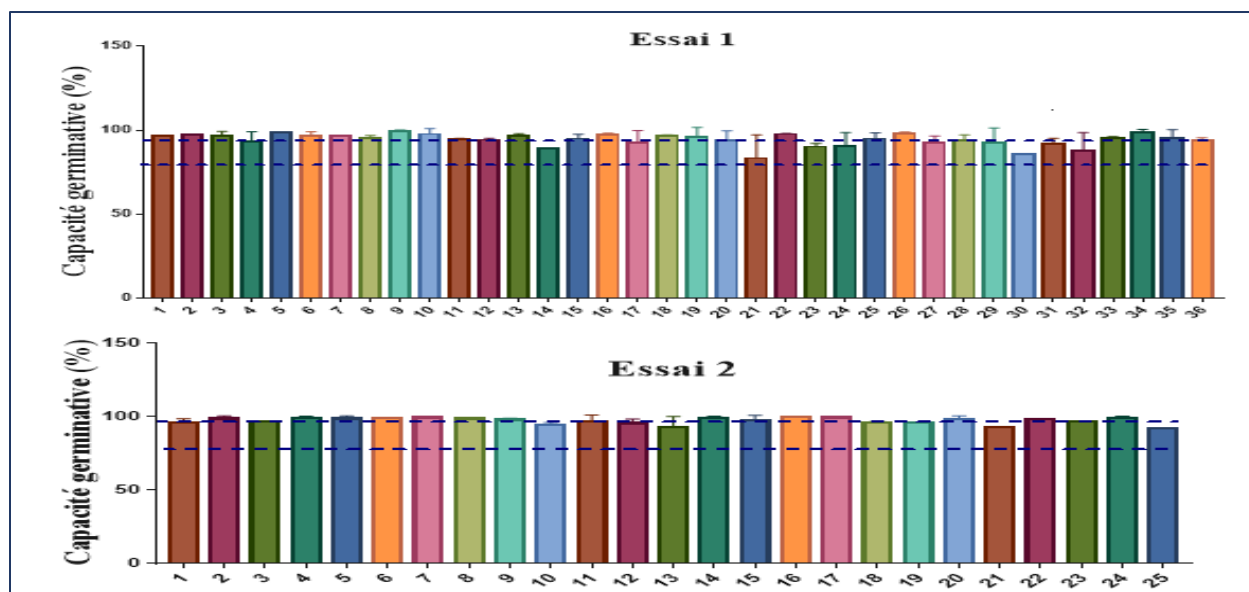


Figure 33. Capacité germinative des génotypes

3 Caractérisation des paramètres de la qualité nutritionnelle de l'orge

Les moyennes, les minima et les maxima pour les paramètres de la qualité nutritionnelle de l'orge sont représentés dans le **tableau 4**.

Tableau 4. Paramètres de qualité nutritionnelle de l'orge

Paramètres de qualité nutritionnelle	Moyennes	Minimum	Maximum	P-Value
Essai 1				
Teneur en Amidon (g/100g MS)	55,00±0,09	54,81	55,2	0,056 ^{ns}
Teneur en protéine (g/100g MS)	10,66±0,12	10,41	10,91	0,022*
Teneur en β-glucane (g/100g MS)	2,03±0,03	1,97	2,00	0,974 ^{ns}
Essai 2				
Teneur en Amidon ((g/100g MS)	54,27±0,06	54,13	54,41	0,0001****
Teneur en protéine (g/100g MS)	10,78±0,10	10,56	11,03	0,0002***
Teneur en β-glucane (g/100g MS)	1,47±0,01	1,25	1,69	0,793 ^{ns}

Différence significative* ; différence non significative^{ns} ; différence hautement significative****

3.1 Teneur en amidon

Les résultats de l'Anova à un seul facteur montrent une différence non significative ($p > 0,05$) pour la teneur en amidon entre les génotypes de l'essai n°1, la différence est hautement significative ($p < 0,0001$) dans l'essai n°2.

Les teneurs en amidon de chaque génotypes sont représentées par des histogrammes sur la figure 34

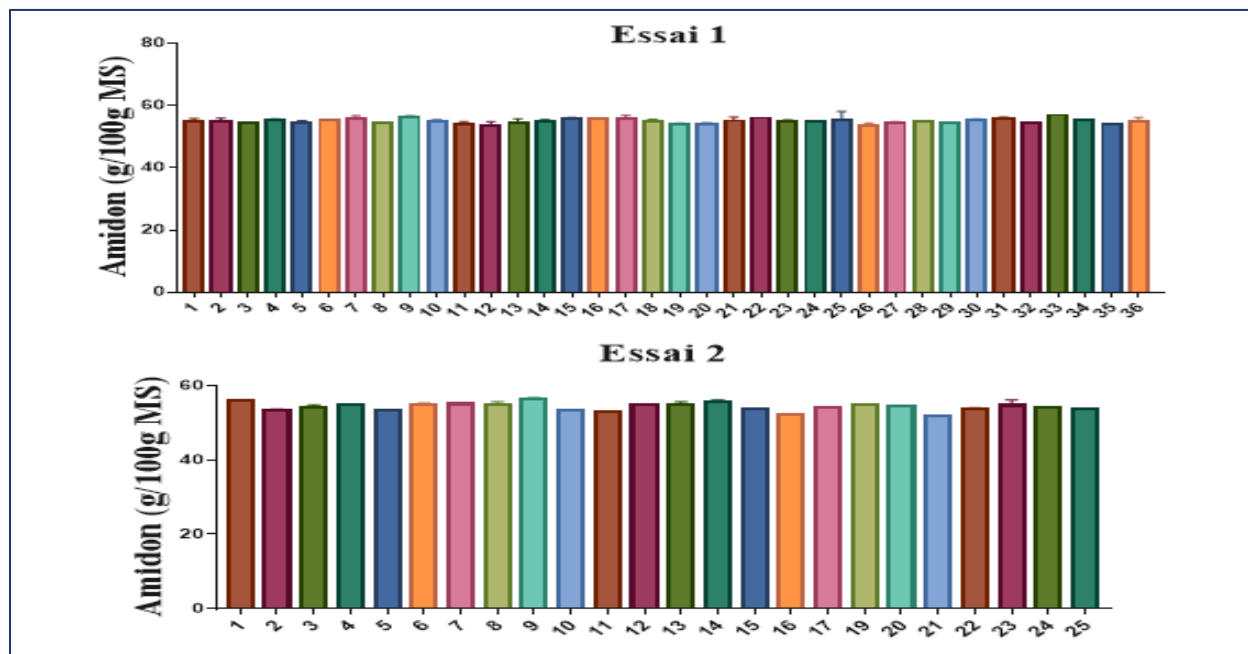


Figure 34. Teneur en amidon des génotypes

3.2 Teneur en protéines

L'Anova à un seul facteur montre une différence légèrement significative pour la teneur en protéines ($p=0,022$) entre les génotypes de l'essai n°1 et une différence très significative entre les génotypes de l'essai n°2 ($p=0,0002$).

Les teneurs en protéines de chaque génotype sont représentées par des histogrammes sur la figure 35.

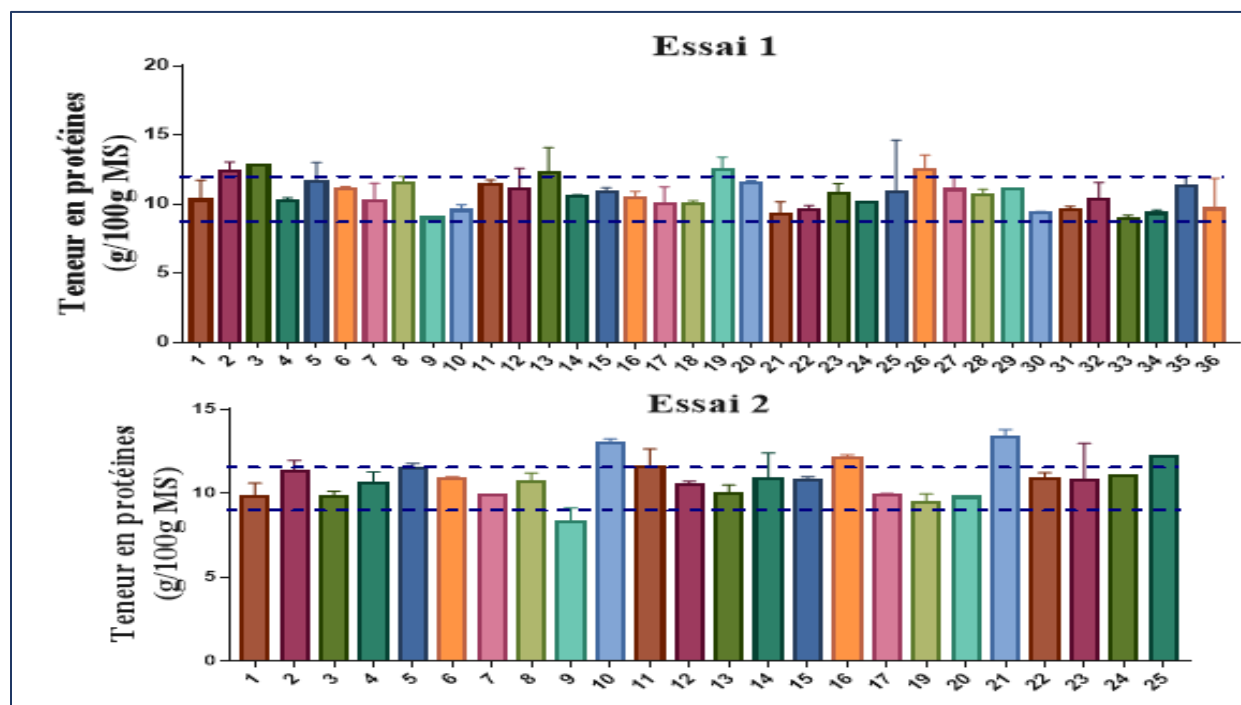


Figure 35. Teneur en amidon

3.3 Teneur en bêta-glucanes

Le test Anova uni factorielle, révèle des différences non significatives entre les génotypes entre les génotypes de l'essai 1 ainsi qu'entre ceux de l'essai 2.

Les teneurs en bêta-glucanes de chaque génotype sont représentées par des histogrammes sur la figure 36. Les analyses pour la détermination des teneurs en bêta-glucanes, alpha-amylases et la teneur en acides aminés libres ont été réalisées que pour les 30 génotypes qui ont été sélectionnés pour leurs meilleures potentialités.

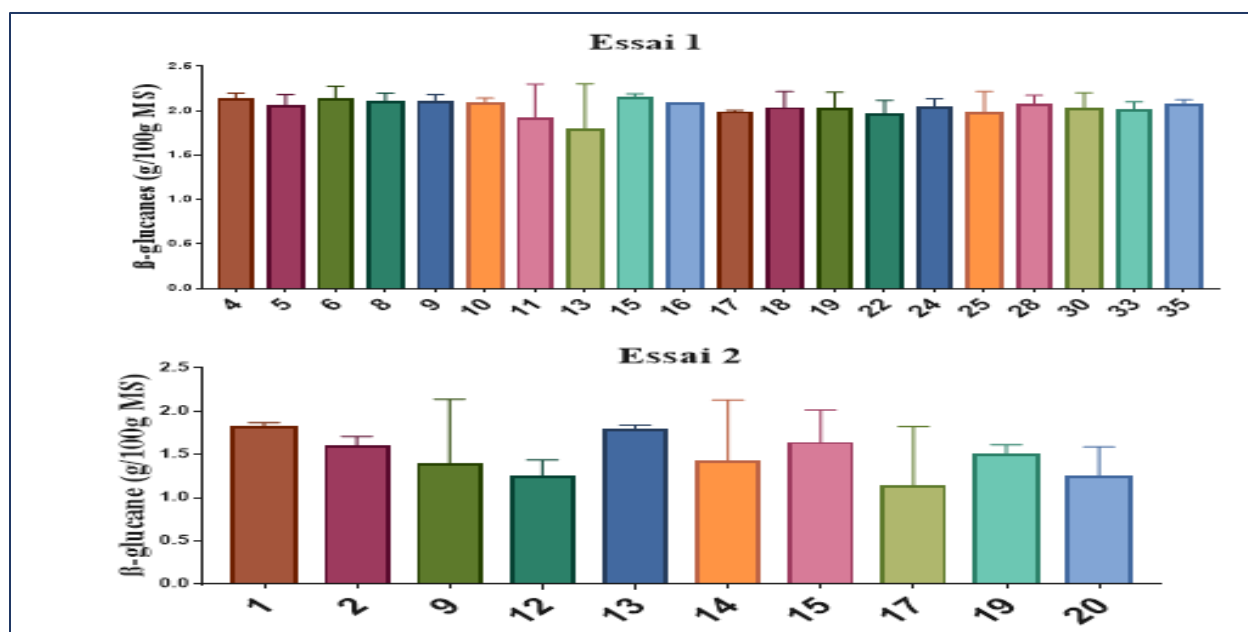


Figure 36. Teneur en β-glucanes des génotypes

4 Corrélation de Pearson entre les paramètres de la qualité nutritionnelle de l'orge

Tableau 5.Corrélation de Pearson entre les paramètres agro morphologiques et les paramètres de qualité nutritionnelle

Traits	PMG	PHL	GE	Aire
β-glucanes	-0,148**	-0,162	0,57*	-0,29
Protéines	-0,266	-0,111*	0,238	-0,328**
Amidon	0,364**	0,327*	-0,124	0,252

**. La corrélation est significative au niveau 0,01 ; *. La corrélation est significative au niveau 0,05.

5 Caractérisation des paramètres de la qualité technologiques du malt

Les moyennes, les minima et les maxima des paramètres de la qualité technologique du malt sont représentés sur le **tableau 5**.

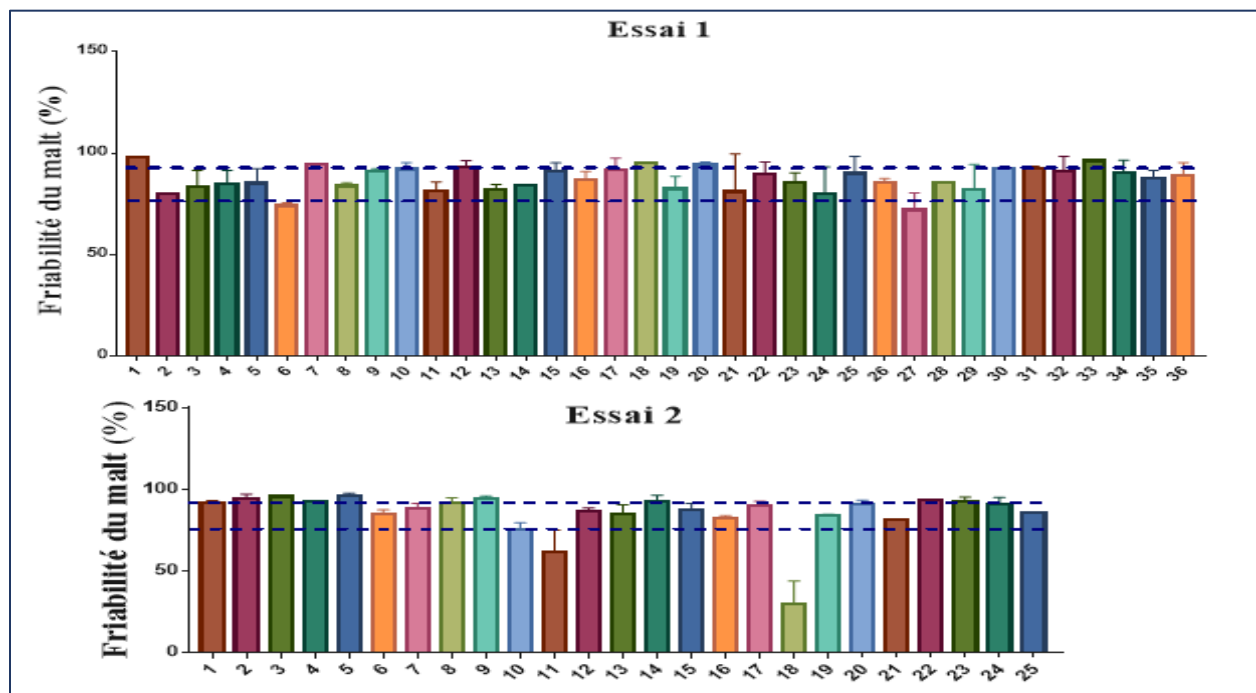
Tableau 6. Paramètres de qualité technologiques du malt

Paramètres de qualité technologiques du malt	Moyennes	Minimum	Maximum	P-Value
Essai 1				
Friabilité (%)	87,24±0,80	85,60	88,89	0,106 ^{ns}
Rendement en extrait de malt (%)	81,84±0,14	81,55	82,12	0,078 ^{ns}
Activité α-amylase (Unité ceralpha)	138,44±4,17	129,73	147,15	0,038*
Acides aminés libres (mg N/ml)	21,85±0,35	21,13	22,58	0,745 ^{ns}
Essai 2				
Friabilité (%)	85,44±0,73	83,91	86,95	0,0001****
Rendement en extrait de malt (%)	80,80±0,10	80,59	81,01	0,0001****
Activité α-amylase (Unité ceralpha)	169,05±4,79	158,36	179,75	0,535 ^{ns}
Acides aminés libres (mg N/ml)	20,24±0,45	19,13	21,34	0,994 ^{ns}

Différence significative* ; différence non significative^{ns} ; différence hautement significative****

5.1 Friabilité du malt

Le test Anova montre une différence hautement significative ($p < 0,0001$) dans l'essai n°2 pour la friabilité du malt, toutes fois cette différence est non significative ($= 0,106$) au niveau de l'essai n°1. Les degrés de friabilité des malts sont représentés par des histogrammes sur la figure 37.

**Figure 37. Friabilité du malt**

5.2 Rendement en extrait de malt

Le test anova à un seul facteur indique une différence non significative ($p=0,078$) entre les génotypes de l'essai 1 pour le rendement en extrait de malt du moût, la différence est hautement significative ($p<0,0001$) entre les génotypes de l'essai 2.

Les rendements en extrait de malt de tous les génotypes sont représentés sur la figure 38.

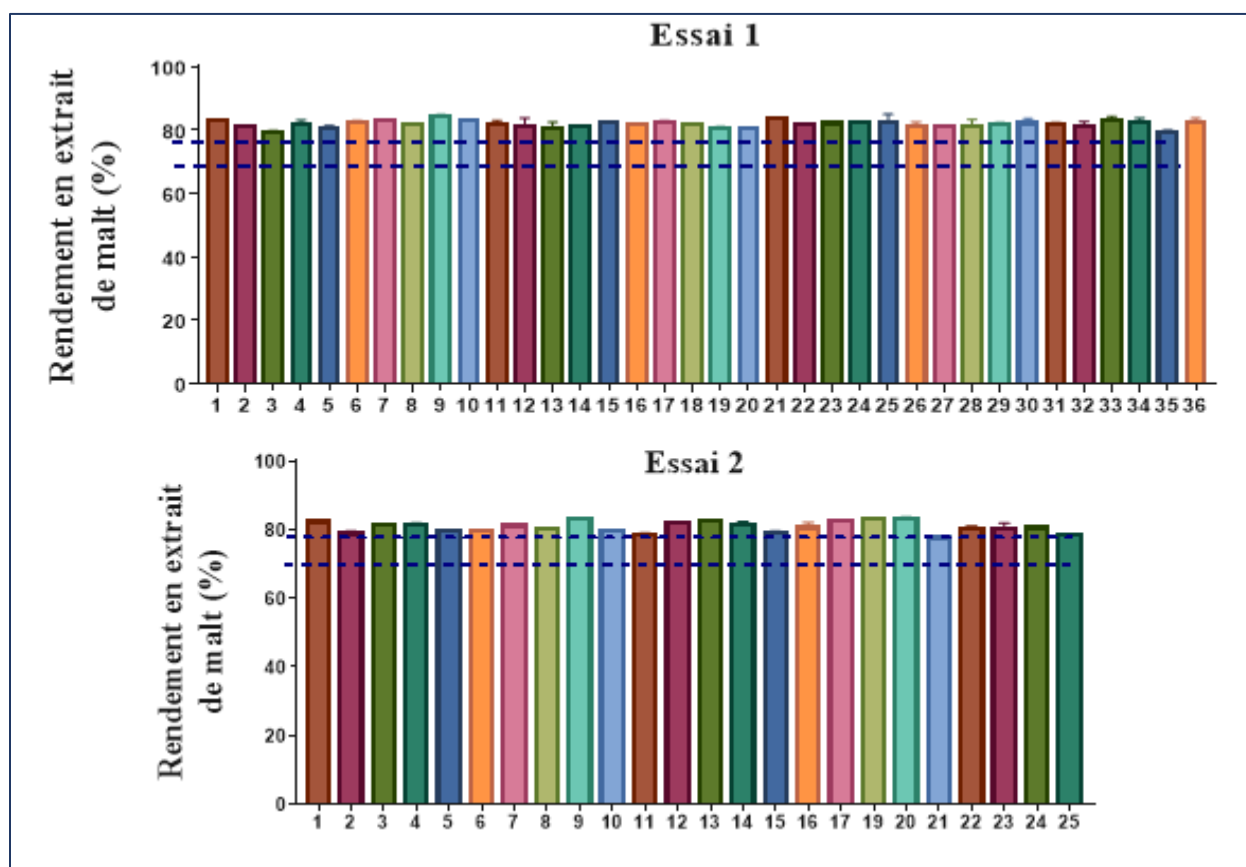


Figure 38. Rendement en extrait de malt des génotypes

5.3 Activité alpha-amylasique du malt

L'anova uni factorielle montre une différence légèrement significative pour l'activité alpha-amylasique des génotypes de l'essai 1 ($p=0,038$), elle est toutes fois non significative dans l'essai n°2.

Les teneurs en alpha-amylase différents malts sont représentés sur la figure 39.

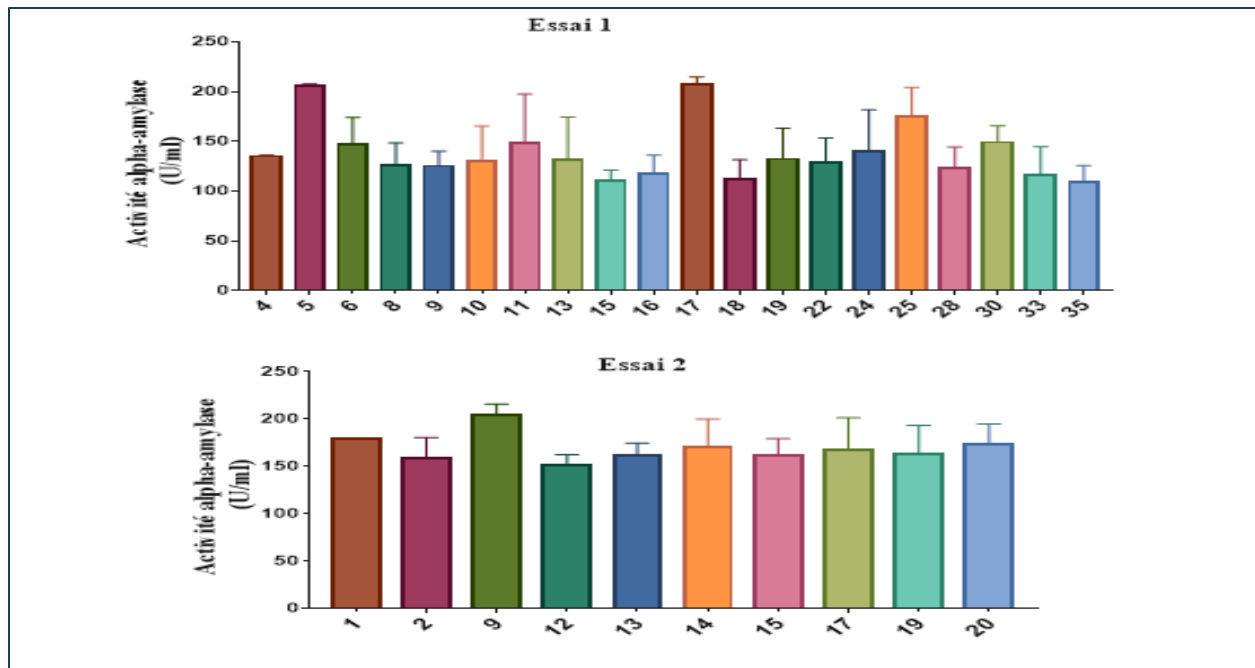


Figure 39. Activité alpha-amylasique des malts

5.4 Teneur en acides aminés libre du malt

Les résultats de l'ANOVA uni factoriel ont montrés de la différence non significative entre les génotypes des essais deux essais. Les teneurs en en acides aminés libres des sont représentés par des histogrammes sur la figure 40.

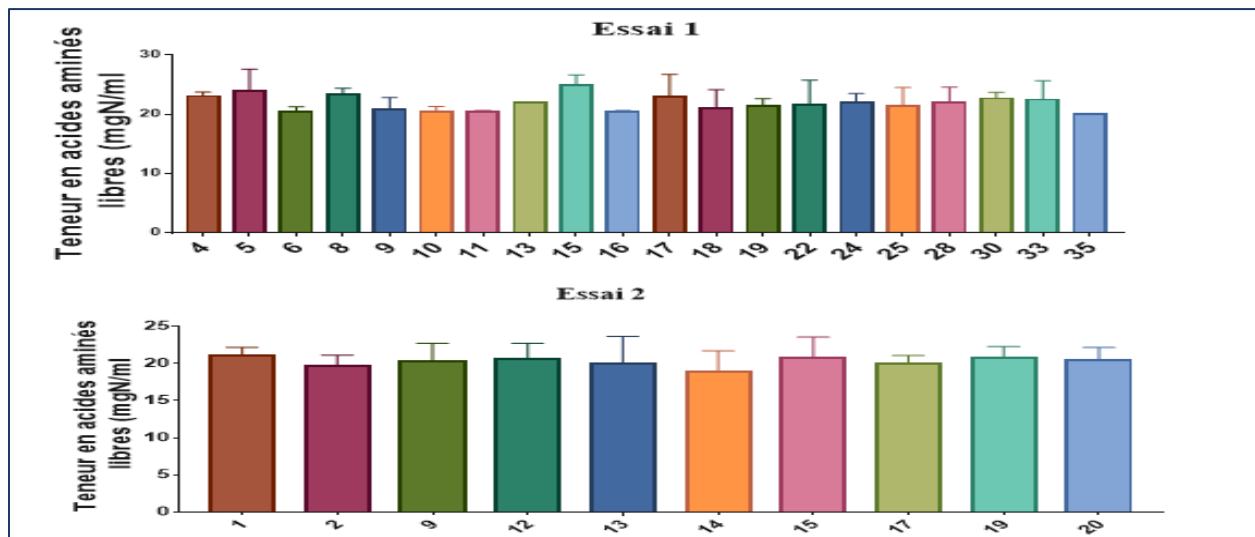


Figure 40. Teneur en acides aminés libres des génotypes

6 Evolution β -glucanes, avant et après germination

Les β -glucanes de l'orge ont diminué en moyenne de 86 % au cours du maltage (Figure 41)

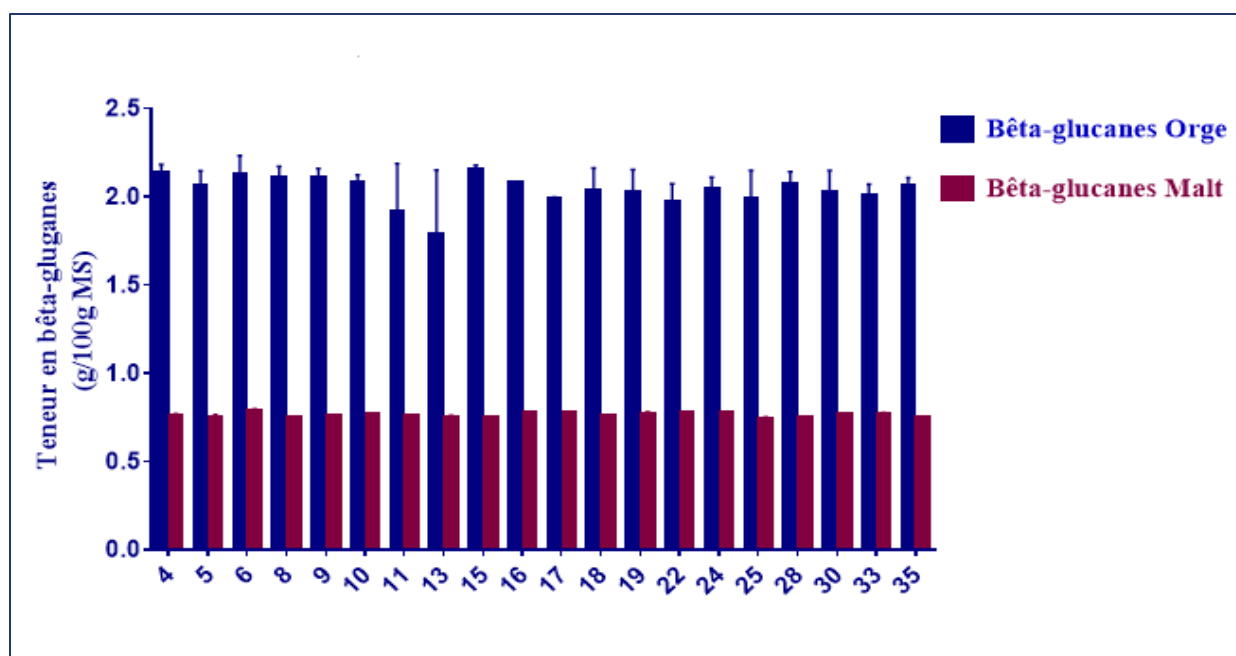


Figure 41. Evolution de la teneur en β -glucane avant et après germination

7 Criblage phénotypique après l'inoculation et l'expression des symptômes de la tache réticulée de l'orge (Net Blotch)

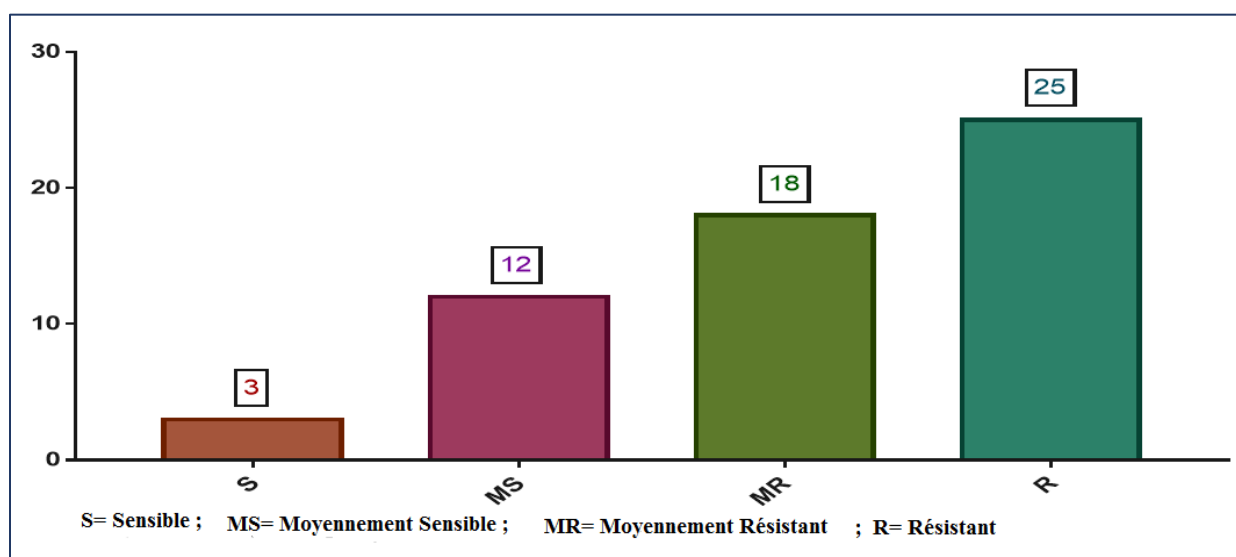


Figure 42 . Résultat du criblage phénotypique des génotypes un mois après l'inoculation

Les génotypes étudiés sont peu sensibles à la tâche réticulée de l'orge sauf trois accessions ont été révélée sensibles, cependant vingt-cinq génotypes ont développés une résistance à la tâche réticulée (Figure 42).

8 Corrélation de Pearson entre les différents traits de qualité du malt

Tableau 7. Corrélation de Pearson entre les différents traits de qualité technologiques du malt

Traits	BG	PM G	PROT	AMD	PHL	CAB	EG	FRI	EDM	ProtS DM	FAN	AA
BG												
PMG	-.148											
PROT	.130	-.266										
AMD	-.162	.364*	-.830**									
PHL	-.029	.260	-.111	.327*								
CAB	-.269	.305	-.273	.182	-.083							
EG	.057	-.208	.238	-.124	-.092	-.110						
FRI	-.030	.187	-.575**	.470**	.076	-.024	-.017					
EDM	-.115	.194	-.718**	.728**	-.041	.211	-.125	.298				
PROTSDM	-.004	-.061	.672**	-.518**	-.044	-.192	.259	-.031	-.493**			
FAN	-.115	.194	-.718**	.728**	-.041	.211	-.125	.298	1.000**	-.493**		
AA	-.383*	-.127	.127	-.021	.083	-.146	-.004	-.070	.039	.154	.039	1

*. La corrélation est significative au niveau 0,05. **. La corrélation est très significative au niveau 0,01.

BG ; β -Glucanes, **PMG** ; Poids de 1000 grains, **PROT** ; Protéines, **AMD** ; Amidon, **PHL** ; Poids à l'hectolitre, **CAB** ; Calibre AB
EG ; Energie germinative, **FRI** ; Friabilité, **EDM** ; Rendement en extrait de malt, **PROTSDM** ; Protéines solubles du malt, **FAN** ;
 Acides aminés libre, **AA** ; Alpha amylase.

Les 10 génotypes ayant les meilleures potentialités brassicoles parmi les lignées étudiées sont représentés dans le tableau 7.

Tableau 8. Dix meilleurs génotypes

Génotypes	Capacité germinative (%)	Extrait de malt (%)	Acide aminé libre (mgN/ml)	Activité alpha - amylasiqu e	Friabilité (%)	Poids de 1000 grains (g)	Résistance Au net bloch
Essai n° 1							
5	98.80	80.75	28.33	205.39	85.10	46.63	+
10	97.66	82.90	29.09	129.69	92.10	47.23	+
11	94.83	81.95	28.75	148.43	81.60	45.36	+
13	96.54	80.40	28.21	131.30	81.90	49.92	+
24	97.00	82.25	28.87	140.177	90.10	45.33	+
25	98.84	81.76	28.85	174.86	85.15	47.11	
Essai n°2							
2	98.82	78.85	19.71	158.88	94.50	49.22	+
9	97.93	83.10	20.27	204.07	94.50	49.92	+
15	97.60	79.30	20.81	161.86	87.40	45.56	+
20	98.33	83.30	20.37	173.21	90.40	45.47	+

+ : Résistance à la tache réticulé de l'orge (Net Bloch)

9 Discussion générale

D'une façon générale, l'explication complète des phénomènes fondamentaux qui ont lieu au cours des transformations technologiques repose sur certains constituants biochimiques. Il est clair qu'on maîtrisera d'autant mieux les problèmes de qualité (notamment en sélection variétale) qu'on aura mieux su les expliquer. Deux approches peuvent être utilisées pour traduire les spéciations du malteur et du brasseur en objectifs de sélection variétale ;

L'utilisation de tests classiques permettant d'apprécier la valeur brassicole et l'utilisation de tests biochimiques.

Ce travail est une combinaison de ces deux approches afin de mieux orienter le programme de sélection génétique dans le sens des exigences des malteurs.

La détermination du poids de 1000 grains permet de juger les degrés d'échaudage des grains et de pronostiquer le rendement en extrait de malt. Cette mesure fait partie du cahier de charges des malteurs. Le poids de 1000 grains de l'orge dépend principalement de la variété et des conditions climatiques au cours de la croissance. Des grains bien remplis donneront potentiellement plus d'extrait, car le grain sera d'un calibre plus grand, c'est-à-dire plus d'amidon, moins de protéines et moins de polyphénols. En se basant sur le seuil d'acceptabilité, l'ensemble des échantillons d'orges étudiées présente des grains avec un poids adéquat, à l'exception du génotype **18** de **l'essai 2** qui se trouvait au-dessous de la valeur seuil. Les poids de 1000 grains les plus élevés sont observés pour les lignées **4 et 14** de l'essai 1.

Les génotypes étudiés ont des poids à l'hectolitre (PHL) globalement très intéressants avec quelques exceptions. Les poids à l'hectolitre les plus faibles sont observés pour les lignées **3 et 18** de l'essai 2. La taille faible du génotype **18** serait probablement la cause, toutes fois cette hypothèse ne permet pas d'expliquer PHL faible du génotype **3**, ayant un poids de 1000 grain adéquat, il y aurait sûrement l'influence d'autres facteurs.

Le PHL des céréales à paille est un critère plus commercial que physiologique ou technologique, en partie hérité d'une période où les transactions commerciales se basaient plus sur le volume que sur le poids (Sadohara *et al.*, 2017). Il conserve actuellement un intérêt logistique, et reste une base des contrats commerciaux. La densité des grains serait essentiellement liée aux conditions de croissance de la culture, et donc, à sa capacité à remplir densément l'enveloppe des grains (Austran, 1994). Il semblerait que les teneurs en protéines élevées y soient favorables dans une certaine mesure, car elles permettent une meilleure agglomération de l'amidon dans la matrice protéique présente dans le grain.

A part la lignée **18** de l'essai 1 qui encore une fois a, la plus petite aire, dans l'ensemble on observe des grains avec de bonnes surfaces. C'est un paramètre important pour le malteur, une trop grande hétérogénéité dans la distribution des calibres peut entraîner des pertes de rendement au brassage due à un broyage inadapté dû à la fixation des réglages du moulin mais également à l'hétérogénéité des désagréations (Hugo, 2017).

Les génotypes étudiés respectent en moyenne le cahier de charges du malteur. L'énergie germinative reflète la qualité du travail de l'améliorateur ainsi que l'aptitude du grain à germer lors du maltage. Ce dernier point est essentiel pour le malteur. Il s'agit d'une analyse importante

mais qui nécessite la levée de la dormance. Une germination rapide et uniforme est nécessaire, au moins 94% des grains doivent germer après 72 heures pour avoir une bonne homogénéité du malt.

La teneur en amidon des génotypes étudiés variait de 54 à 55 g/100g de matières sèches, des résultats similaires ont été retrouvés par Howard *et al.*, (1996). L'amidon a une grande importance nutritionnelle, ce sont d'importants composants de fibres diététiques en nutrition humaine (Macpherson, 2005). Il est encore plus important d'avoir des génotypes riches en amidon pour l'industrie brassicole car, ce dernier est convertit au cours du processus de la germination en sucres simples fermentescibles par les levures.

La majorité des génotypes respectent le cahier des charges le plus sévère pour les teneurs en protéines (Figure 35). Les teneurs en protéines sont bonnes. Il s'agit de nouveau du travail de sélection des variétés mais également la maîtrise de la fertilisation qui permet d'obtenir des teneurs en protéines adéquates. Elle variait de 10 à 11g/100 grammes de matières sèches, une amplitude plus restreinte que celle qu'avait retrouvé Verma & Sarkar., (2008).

Les résultats ont montré de faibles teneurs en β -glucanes dans les accessions d'orges étudiées, soit des teneurs de 1 à 3 %. Généralement l'orge d'hiver contient très peu de β -glucanes (Garí *et al.*, 2019). Les génotypes ont une meilleure performance en ce qui concerne la teneur en β -glucanes dans les environnements plus secs (Jilal, 2011), suggérant qu'il est important d'identifier le matériel d'élite pour la production dans certaines zones géographiques afin d'obtenir des grains d'orges avec des contenus raisonnables de β -glucanes. Toutefois les meilleures lignées sélectionnées pourraient être utilisées en rétrocroisement avancé avec d'autres cultivars pour incorporer le gène β -glucane.

Ces valeurs obtenues pour la qualité nutritionnelle de l'orge sont dans la moindre mesure peu satisfaisante car, malgré de bonnes teneurs en amidon, la teneur en β -glucanes des accessions est bien trop faible pour qu'on puisse prétendre en tirer des effets bénéfiques de l'orge sur la santé en utilisant ces accessions comme ingrédient alimentaire dans la fabrication du pain ou d'autres produits alimentaires à base d'orge. A défaut que les génotypes étudiés soient riches en micronutriments, vue leurs faibles richesses protéiques et très peu de β -glucanes qu'ils contiennent

on peut admettre qu'ils ne sont pas aptes à l'alimentation humaine, par contre de telles teneurs en β -glucanes et protéines sont idéales et très recherchées pour la brasserie.

L'analyse de la corrélation entre les paramètres de la qualité nutritionnelle de l'orge et les paramètres agro-morphologique (tableau 5) indique une corrélation négative significative entre le teneur en β -glucanes et le poids de 1000 grains (-0,148), cette observation est en concordance avec les observations antérieures (Messia et *al.*, 2019), elle est corrélée positivement avec l'énergie germinative (0,57*).

Certains géotypes n'ont pas été bien modifiés durant le maltage, car ils présentent des friabilités relativement faibles, toutefois la majorité respecte le seuil de la friabilité souhaité, ces résultats étaient prévisibles vue l'énergie germinatives élevées de ces accessions, confirmant la bonne transformation du grain lors du maltage.

Traditionnellement, le malteur testait le niveau de modification du malt en comprimant le grain entre ses ongles. Aujourd'hui, on peut estimer cette modification de façon plus précise en utilisant un Friabilimètre.

On observe de bon rendement en extrait de malt des géotypes étudiés, les malteurs sont généralement très exigeant pour la conformité de ce paramètre au cahier de charges.

En général, le malt des deux essais a de bonnes activités amylases qui permettront de transformer l'amidon en sucre plus ou moins complexes. La forte activité α -amylasique de certains géotypes étudiés (jusqu'à 200U /ml) font d'eux des accessions très prometteuses pour la brasserie.

Les alpha-amylases sont nécessaires pour pouvoir attaquer les granules d'amidon entourés d'une matrice protéique dense, l' α -amylase doit agir pour rendre les granules d'amidon accessibles. Par contre, un problème à considérer est la découverte dans les grains d'une série de protéines agissant comme inhibiteurs d'enzyme, telles que l'inhibiteur d' α -amylase-subtilisine (ASI).

Le FAN (Acide aminé libre) et la couleur sont deux paramètres importants liés aux protéines du grain. Le FAN répond aux besoins en acides aminés de la levure de bière pendant la fermentation. Des quantités adéquates de FAN sont nécessaires pour une fermentation efficace et complète. Le niveau de FAN qu'un malt peut produire pendant le brassage dépend de la teneur en protéines de

l'orge. Toutes les accessions étudiées ont des quantités d'acides aminés libres adéquates pour nourrir les levures lors de la fermentation.

On observe une diminution d'environ 86% de la teneur en bêta glucanes de l'orge après le maltage (Figure 41). Le même constat a été fait par Austran, (1994). Les β -glucanes persistent dans le moût du fait que les β -glucanases sont très sensibles aux températures élevées. Ceci amène alors un allongement du temps de fabrication. Ainsi, les β -glucanes ont une double ambiguïté technologique : résistance à la dégradation de l'albumen au cours du maltage et gêne à la filtration de moût et de la bière.

Il est connu que la taille du grain d'orge a un effet significatif sur sa qualité brassicole. Les grains de grandes tailles avaient une teneur en protéines significativement plus faibles que les grains de tailles moyennes, et leur indice de germination était significativement inférieur. Cependant, malgré leur indice de germination plus faible, les gros grains ont été plus modifiés au maltage de façon plus complète, peut-être même trop, puisque leur malt avait une teneur significativement plus élevée en protéines solubles et une teneur significativement plus faible en β -glucanes. De telles observations ont été faites par Edney & Woodbeck., (2003).

Plusieurs paramètres de la qualité du malt présentaient également des corrélations significatives avec le poids de 1000 grains ainsi qu'avec le diamètre moyen des grains. Les coefficients de corrélation indiquaient, comme nous nous y attendions, que les gros grains donnent un rendement plus élevé en extrait de malt, ce qui expliquerait la corrélation positive existant entre la taille du grain et la teneur en acides aminés libres (FAN) du malt, puisque l'extrait de malt dépend de la bonne performance des levures, pour lesquelles les acides aminés libres constituent un facteur de croissance majeur, cela est bien exprimé par la forte corrélation qui existe entre l'extrait de malt et le FAN ($r=1^{**}$).

Les gros grains avaient tendance à donner un malt renfermant moins d' α -amylase, peut-être en raison de leur modification moins prononcée durant le maltage, puisque la teneur en α -amylase présentait une corrélation négative avec la teneur en β -glucane ($r = -0,383^*$).

De fortes corrélations négatives et très significatives existent respectivement entre la teneur en protéines et la friabilité du malt ($r=-0,557$); l'extrait de malt ($r=-0,718$) et le FAN ($r=-0,718$), ceci dit, la teneur en protéine est un paramètre à bien prendre en compte, quand il s'agit de

l'amélioration de variété d'orge brassicole car, elle influe négativement sur la majeure partie des paramètres technologiques clés du maltage.

La plupart des caractères étudiés présentaient une forte corrélation positive ou négative entre eux, il n'est pas évident d'avoir tous les traits désirables combinés dans un génotype unique. En fait, cela a été la limitation de la sélection du programme d'orge brassicole. Par conséquent, un niveau optimal de la plupart de ces caractères doit être combiné tout en faisant des compromis. Les dix meilleurs génotypes sélectionnés ont de bonnes potentialités brassicoles (Tableaux 8), la lignée 5 l'essai 1 et la lignée 9 de l'essai 2 ont des activités alpha-amylasique surpassant les 200U /ml, des pourcentages de germination autour de 98 pour cent, avec un poids de 1000 grains de 49,22g pour le génotype 2 et de 46.63g pour le 5. Ces génotypes ont des potentialités brassicoles remarquables. Les dix génotypes sélectionnés ont développés des résistances à la tache réticulée de l'orge (Net blotch).

Conclusion

Améliorer les conditions de vie et les moyens de subsistances des populations des régions arides est une des missions principale de l'ICARDA. Le développement de nouveau matériel génétique avec une bonne qualité nutritionnelle et la traduction des spéciations des industriels du secteur brassicole en des objectifs de sélections variétales. Ce travail a été réalisé dans le cadre de cette mission.

Pour la caractérisation de la qualité nutritionnelle, les résultats ont montré de faible teneur en bêta-glucanes, des valeurs en dessous 3/100g de matières sèches, mais les accessions étaient en générale riches en amidon. On a également observé des génotypes avec de faibles teneurs en coque (enveloppe) et à faible teneur en protéines. Cependant, l'orge alimentaire devrait être riche en protéine et bêta-glucane car, ils sont très bénéfiques pour la santé humaine, ce qui indique que ces deux caractères ont besoin d'être améliorés.

Les analyses réalisées sur les orges et les malts de différents génotypes ont permis de mettre en lumière les paramètres importants des orges brassicoles, du processus de maltage et du malt résultant afin de fournir des informations précieuses à l'améliorateur pour le développement des cultivars capables de satisfaire aux exigences et besoins du secteur brassicole.

On a observé des génotypes dans la gamme souhaitable de génotypes avec de faible teneur en bêta-glucanes, en protéines avec une capacité germinative élevée, riche en acide aminé libre (FAN), une bonne activité alpha-amylasique et presque que la moitié des génotypes ont développés une résistance à la tache réticulée de l'orge. La corrélation de types Pearson, nous a montré que la teneur en protéine influe négativement sur la majeure partie des paramètres technologiques clés du malt, par contre le poids de 1000 grains est corrélé positivement avec les paramètres technologiques les plus importants du malt. Une corrélation égale à l'unité a été trouvée également entre le rendement en extrait de malt le FAN. On a observé une diminution de 86 % de la teneur en bêta-glucanes de l'orge au malt après la germination.

La sélection d'orges de type brassicole constitue un cas de figure particulièrement difficile vu la multiplicité des critères de qualité. La plupart des caractères étudiés présentaient une forte corrélation positive ou négative entre eux il devient donc, très difficile de combiner tous les traits désirables dans un génotype unique.

Sur la base des résultats trouvés, nous pouvons admettre que les accessions étudiées sont plus aptes pour le maltage que pour l'alimentation humaine donc, l'amélioration génétique de ces lignées potentielles devrait continuer dans ce sens-là.

Perspectives

Les résultats portant sur l'identification de traits quantitatifs sur Loci (QTL) vont nous permettre de prendre en considération les génotypes ayant effectivement les gènes de résistance à la rayure réticulée d'orge et les traits de qualités souhaités pour une meilleure sélection.

Ces résultats pourraient être valorisés en faisant l'objet d'une publication.

Références Bibliographiques

- Abdul S, Wali D, Annette W , Gerhard H, Folkard.A. (1997) 'QTL Analysis for Salt Tolerance in Barley' *Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research , Germany*. p. 24.
- Ahmadi, N. (2009) Les recherches en Génétique et Amélioration des Plantes (GAP) au Cirad pp23.
- Ajib, B. (2018) Contribution à la modélisation de la qualité de l'orge et du malt pour la maîtrise du procédé de maltage. *Ecole Nationale Supérieure d'Agronomie et des Industries Alimentaires, Université de Lorraine*. p102-105.
- Anderson V, Bauer M, Lardy G, Steve Z. (2012) 'Barley Grain and Forage for Beef Cattle', *North Dakota Agricultural Experiment Station*, pp. 14–18.
- Aumentare P, Resilienza L, Azeiende D. (2010) 'Chapter 8 Barley Breeding History , Progress, Objectives , and Technology Europe'.p5-6
- Austran J.-C. (1994) 'Qualite technologique de l'orge'.*Laboratoire de Technologie des Céréales, I.N.R.A de MONTPELLIER*'p25-29
- Bahadur B, Venkat R, Leela S, Krishnamurthy K.V (2015). Plant Biology and Biotechnology, *Springer*. p45-61.
- Beillouin D, Beillouin M. (2018) Conception et évaluation d'idéotypes variétaux et culturaux en orge d ' hiver brassicole pour des conduites culturales à bas niveau d'intrants : Approche par expérimentation et modélisation. *UMR Agronomie, INRA, AgroParisTech, Université Paris-Saclay*.p24-58-64
- Boungab K. (2013) 'La rayure réticulée de l'orge (Hordeum vulgare L.) dans le Nord-Ouest Algérien : importance, morphologie et pouvoir pathogène chez Pyrenophora teres f. teres et recherche de moyens de lutte'. *Université d'Oran*.p 162-166
- Briggs D. E, Boulton C. (2004) Brewing Science and practice. *CRC Press* p14.

Cammarano D, Ceccarelli S, Grando S, Romagosa I, Benbelkaceme A, Akarf T, Al-Yassing A, Pecchioni N. (2019) 'The impact of climate change on barley yield in the Mediterranean basin', *European Journal of Agronomy*. p. 2–3.

Charles R, Collaud J.-F, Häner L, Sinaj.S (2012) 'Variétés , densité de semis et fumure azotée sur orge d'automne' *Station de recherche Agroscope Changins-Wädenswil*, p. 88–95.

Chentoufi, L. (2010) 'Analyse de la diversité locale de l'orge (*Hordeum vulgare* L.) pour la résistance à la rayure réticulée causée par *Pyrenophora teres*'. *Institut Agronomique et Vétérinaire Hassan II*.p39-42

Collins H, Bettsa S, Timothy J, Januszc A, Stewartd D.C, Skadhauge B, Eglintonb J, Bianca K, Alan L (2016) 'Water uptake in barley grain : Physiology ; genetics and industrial applications', *Plant Science*. p. 260–269.

Edney M, Woodbeck S. (2003) 'Mesure de la couleur et de la taille du grain d'orge pour prédire la qualité d'utilisation finale du malt Facteurs de déclassement et orge brassicole', *cadadian journal of Sciences*.p12-13

Eriksson J, Eriksson H. (2012) 'Barley starch , structure and properties', *Uppsala, Sweden*. pp. 8–10.

Felizardo M. P, Freire J. T. (2018) 'Characterization of barley grains in different levels of pearling process', *Journal of Food Engineering*.p. 29–35.

Fox G. Kelly A, Bowman J, Inkerman A, Poulsen D. (2009) 'Is malting barley better feed for cattle than feed barley?', *Journal of the Institute of Brewing*. p. 4

Garí M, Guascha V, Guillenb P, Anerillasc C, Cemelia T, Pedrazaa N, Ferrezueloa S, Encinasc M, Moralejob M (2019) 'Barley β -glucan accelerates wound healing by favoring migration versus proliferation of human dermal fibroblasts', *Carbohydrate Polymers*.p12.

Gils M , Graner S (2016) 'Molecular Breeding for Malting Quality', Book,*Chemistry and Technology: Second Edition*, pp. 11–13.

Grando S, Tropics J (2014) 'Food Barley : Importance , Uses and Local Knowledge', p. 69–71.

Howard K. A, Gayler K.R, Halloran H.A. (1996) 'The relationship between D hordein and malting

quality in barley', *Journal of Cereal Science*, p. 7–9.

Hugo, R. (2017) 'Etude du maltage artisanal de l'orge brassicole pour son développement en circuit court en Wallonie'. *Université de Liège*.p 14

Jebbouj R, Yousfi B. (2010) 'An integrated multivariate approach to net blotch of barley : Virulence quantification , pathotyping and a breeding strategy for disease resistance', *Plant Pathology*, p. 3–5.

Jilal, A. (2011) 'Assessment of genetically diverse international barley germplasm for development of food product applications Assessment of Genetically Diverse International Barley Germplasm for Development of Food Product Applications', *Southern Cross University* 36.

Kant L, Amrapali, Babu B. K. (2016) '*Barley*' *Genetic and Genomic Resources for Grain Cereals Improvement India*.

Kleijer G, Schwaerzel R. (2007) 'Relation entre le poids à l'hectolitre et plusieurs paramètres de la qualité dans le blé', *Unité de recherche Agroscope Changins-Wädenswil ACW*. p. 3–5.

Liu Z, Liu, Zhaohui E, Oliver R, Richard P, Friesen K, Timothy L (2011) 'Pyrenophora teres : Profile of an increasingly damaging barley pathogen Pathogen profile Pyrenophora teres : profile of an increasingly damaging barley pathogen', *Molecular plant pathology*. p. 4.

Macpherson H. G. (2005) 'Food Barley: Importance, Uses and Local Knowledge', *Proceedings of the international Workshop on Food Barley Knowledge Improvement*, p. 36.

Messia M. C, Oriente M, Angelicola M, De Arcangelis E, Marconi E.D. (2019) 'Development of functional couscous enriched in barley β -glucans', *Journal of Cereal Science*. p. 7–9.

Mulatu B, Grando, S. (2011) 'Development in Ethiopia, Achievements in Barley Scald research in Ethiopia'. *Ethiopian Institute of Agricultural Research International Center for Agricultural Research in the Dry Areas*.p 16-18

Naz A. A, Arifuzzaman M.D, Muzammil S, Pillen K, Léon J (2014) 'Wild barley introgression lines revealed novel QTL alleles for root and related shoot traits in the cultivated barley (*Hordeum vulgare* L .)', *BMC Genetics*. p. 1–12.

Newman R. K, Newman C. W. (2008) 'Barley for food and health science , technology , and products' *Book's Willey Edition*. pp 45-145

Verma P.R, Sarkar B. (2008) 'Breeding barley for malting quality improvement in India Breeding Barley for Malting Quality Improvement in India', *Journal of Cereal Science*. 7-9-13.

Palmer G.H, (2014) 'Cereal Science and Malting Technology ', *Journal of the American Society of Brewing Chemists*. p. 8.

Parzies H. K, Ennos R. A. (2000) Genetic diversity of barley landrace accessions (*Hordeum vulgare* ssp . *vulgare*) 'Conserved for different lengths of time in ex situ gene banks. *Scottish Agricultural College, Department of Biotechnology*'.

Prystupa P, Peton A, Pagano E, Gutierrez B. (2019) 'Sulphur fertilization of barley crops improves malt extract and fermentability', *Journal of Cereal Science*. p. 5.

Rafiq I. (2012). 'D' utilisation des produits de moutures de l'orge'. *Institut Agronomique et Vétérinaire Hassa II*. p. 56-59.

Romero C. C. T, Niks R. E. (2018) 'Identification of a large effect QTL associated with kernel discoloration in barley', *Journal of Cereal Sciences*. p. 6.

Sadohara R, Iwami A, Kajiwarra Y, Takashita H, Timothy J, Stewart J, Amanda J. (2017) 'Genetic analysis of barley for Shochu quality', *Journal of Cereal Science*. p. 9.

Shewry P. R, Ullrich S. E. (2014) 'Chemistry and technology'. *Book's Second Edition*. p 25-36-108-124

Springuel I. (2012) 'Wild Barley *Hordeum spontaneum* L. in Egypt', *Faculty of Science, Cairo University, Giza, Egypt* pp. 36–41.

Taner A, Fazil D. (2004) 'Barley: 'Post-harvest Operations', *Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO)*, pp. 1–64.

Taylor P, Tekauz A. (2009) 'A Numerical Scale to Classify Reactions of Barley to *Pyrenophora Teres*', *Plant Pathology*. p. 5-6.

Tosh S. M. (2013) 'Review of human studies investigating the post-prandial blood-glucose lowering ability of oat and barley food products', *European Journal of Clinical Nutrition*. p. 12–13.

Ulrich. (2002) ' Biotechnological Approaches to Barley Improvement.*Book's, Volume 2, Springy Edition. p36-98*

Vaculova K. (2016) 'The Influence of Genotype and Environment on Arabinoxylan and Beta-glucan Contents in Grain of Spring Barley (Hordeum ... The influence of genotype and environment on arabinoxylan and beta-glucan contents in grain of spring barley (hordeum vulgare L .)', *ResearchGate*. p.5

Visioni A, Clariana R. I. Pecchioni N, Trabal J.C. (2014) 'Tesis Doctoral, Barley Adapataion to Stress Prone Environments', *Universitat de Lleida*. p. 19.

Zhang, G. Li, C. (2009) 'Genetics and Improvement of Barley Malt Quality', *Zhejiang University Press*. p.9-10

Zhou M. X. (2010) 'Barley production and consumption', *Advanced Topics in Science and Technology in China*. p. 61–66.

Zhu C, Gore M, Buckler E.S, Yu J. (2008) 'Status and Prospects of Association Mapping in Plants', *Journal of Cereal Science*. p. 11–14.

Annexes

Annexe 1 : Détermination de la teneur β -glucanes

Procédure de la préparation de l'échantillon

« Ce prétraitement peut être appliqué pour la détermination de l' α -amylase, du pouvoir diastasique, du bêta -glucane ».

Principe

L'échantillon est mélangé à une solution d'acide sulfurique 0.075 molaire et de la thermomyl α -amylase. L'extrait est obtenu après filtration.

Extraction

- ❖ Peser 100 mg d'orge ou de malte finement moulu de chaque échantillon dans un tube
- ❖ Ajouter 9.9 ml d'eau distillée
- ❖ Ajouter 100 μ l d'enzyme (α -amylase thermomyl)
- ❖ Les tubes sont vortexés et chauffés dans le bain marie pendant 1h
- ❖ Centrifugation (3000 rpm pendant 10 minutes)
- ❖ Ajout de 10 ml d'acide sulfurique à 0.075 molaires
- ❖ Les tubes sont à nouveau vortexés et chauffés au bain marie pendant 15 minutes
- ❖ Centrifugation et filtration
- ❖ Les filtrats sont transférés dans les tubes du SKALAR

Réactifs

A. Eau distillée + saccharose + Triton X-100 (1 litre)

Produits chimiques requis ;

Saccharose..... 65g ($C_{12}H_{22}O_{11}$)

Triton X-100.....0,5 ml

Préparation ; Dissoudre le saccharose dans $\pm$ 800 ml d'eau distillée. Remplir jusqu'à 1 litre avec de l'eau distillée, ajouter le triton X-100 et mélanger.

B. Solution d'acide chlorhydrique (1M) (1 litre)

Produits chimiques requis ;

Acide chlorhydrique (32%).....100 ml

Préparation ; Diluer l'acide chlorhydrique dans ± 800 ml d'eau distillée. Remplir jusqu'à 1 litre avec de l'eau distillée et mélanger.

C. Solution tampon Tris (0,1M, pH 9,0 $\pm$ 0,2) (1 litre)

Produits chimiques requis ;

Tris (hydroxyméthyle)-aminométhane ($C_4H_{11}NO_3$)12 ,1 g

Acide chlorhydrique (1 M) ± 20 ml

Préparation ; Dissoudre le tri (hydroxyméthyle) aminométhane dans ± 800 ml d'eau distillée. Ajouter lentement la solution d'acide chlorhydrique et ajuster le pH à $9,0 \pm 0,2$ en ajoutant de la solution d'acide chlorhydrique. Remplir d'eau distillée jusqu'à 1 litre.

D. solution mère de calcofluor (100 ml)

Produits chimiques requis ;

Calcofluor ($C_{40}H_{44}N_{12}O_{10}S_2$)350 mg

Hydroxyde de sodium (1M)X ml

Préparation ; Dissoudre le Calcofluor dans 70 ml d'eau distillée et ajouter quelques gouttes de solution d'hydroxyde de sodium (1M) jusqu'à pH 10,6 et remplir d'eau distillée jusqu'à 100 ml.

E. Réactif nécessaire au calcofluor

Solution mère de calcofluor.....10 ml

Tampon tris.....990 ml

Préparation ; Transférer la solution mère de Calcofluor et la solution tampon Tris dans une bouteille légèrement étanche. Mélanger délicatement le contenu.

F. liquide de rinçage (1 litre)

Produits chimiques requis ;

Ethanol ($\text{CH}_3\text{CH}_2\text{OH}$)580 ml

Préparation ; Diluer l'éthanol dans ± 700 ml d'eau distillée, remplir jusqu'à 1 litre d'eau distillée.

Standard de β -glucane

Ce β -glucane standard (P-SFABG) est fourni sous forme de poudre lyophilisée en présence d'un agent de charge. Le contenu d'un flacon de 25 ml (40 mg de β -glucane) est dissous dans 20 ml d'eau, puis dilué pour obtenir une concentration de β -glucane de 400 $\mu\text{g/ml}$ (par une méthode enzymatique Mégazyme).

Préparation du standard

Ajouter 20 ml d'eau distillée à un flacon contenant du β -glucane standard (40 mg plus l'agent gonflant). Ajouter une barre d'agitation magnétique (5 x 15 mm) et agiter le contenu sur une plaque chauffante à agitation magnétique. Régler la température de la plaque chauffante à environ 150°C et continuer à agiter jusqu'à ce que le β -glucane se dissolve complètement et que la solution devienne cristalline (après 2-5 min, lorsque la température du flacon atteint 65-70°C). Verser quantitativement le contenu de la fiole dans une fiole jaugée de 100 ml à l'aide d'un petit entonnoir (dans la fiole) et d'une bouteille de lavage à l'eau pour assurer le transfert complet du β -glucane. Ajustez le volume au repère et mélangez bien par inversion.

Standard de travail

- ❖ 300 mg β -glucane/litre : Diluer 15 ml de solution mère 400 mg de β -glucane/litre dans 20 ml d'échantillon de liquide de rinçage.
- ❖ 240 mg β -glucane/litre : Diluer 12 ml de solution mère 400 mg de β -glucane/litre dans 20 ml d'échantillon de liquide de rinçage.
- ❖ 180 mg β -glucane/litre : Diluer 9 ml de solution mère 400 mg β -glucane/litre à 20 ml d'échantillon de liquide de rinçage.

- ❖ 120 mg β -glucane/litre : Diluer 6 ml de solution mère 400 mg β -glucane/litre à 20 ml d'échantillon de liquide de rinçage.
- ❖ 60 mg β -glucane/litre : Diluer 3 ml de solution mère 400 mg β -glucane/litre à 20 ml d'échantillon de liquide de rinçage.

Annexe 2 : Détermination de la teneur en α -amylase

« Le protocole d'extraction est le même que pour la détermination de la teneur en β -glucane et le pouvoir diastasique »

Réactifs

A. Solution tampon de dilution (1 litre)

Produits chimiques requis ;

Chlorure de sodium (NaCl).....2,2 g

Acétate de sodium (CH₃COONa).....2,5 g

Acide acétique (100%).....0,9 ml

Préparation ; Dissoudre le chlorure de sodium et l'acétate de sodium dans $\pm$ 800 ml d'eau distillée. Ajouter l'acide acétique. Remplir d'eau distillée jusqu'à 1 litre et mélanger.

B. Solution d'iodite de potassium

Produits chimiques requis ;

Iode (I₂).....5,08 g

Iodure de potassium (KI).....20 g

Préparation ; Dissoudre l'iode dans 150 ml d'eau distillée et ajouter l'iodure de potassium. Remplir jusqu'à 200 ml avec de l'eau distillée et mélanger pendant 1 heure.

C. solution nécessaire à l'iode

Produits chimiques requis ;

Iodure de potassium (KI).....3 g

Solution mère B.....10 ml

Préparation ; Dissoudre l'iodure de potassium dans $\pm$ 800 ml d'eau distillée et ajouter la solution mère B. Remplir d'eau distillée jusqu'à 1 litre et mélanger.

D. Solution substrat de la β -dextrine limite

Produits chimiques requis ;

B- dextrine limite.....2,2 g

Solution tampon de dilution (A).....500 ml

Préparation ; Dissoudre la dextrine -Limite dans 500 ml de solution tampon de dilution (A) et mélanger.

E. Liquide de rinçage (1 litre)

Produits chimiques requis ;

Chlorure de sodium (NaCl).....5 g

Préparation ; Dissoudre le chlorure de sodium dans $\pm$ 800 ml d'eau distillée. Remplir jusqu'à 1 litre avec de l'eau distillée et mélanger.

Standard l' α -amylase

L' α -amylase et le pouvoir diastasique sont des applications très courantes utilisées dans l'industrie du maltage et de la brasserie. L' α -amylase détermine l'activité principalement dextrinalisante et le pouvoir diastasique l'action principalement saccharifiante. L'analyse du pouvoir diastasique est la somme de l'alpha-amylase et de la bêta-amylase. La normalisation des deux applications est basée sur l'activité d'une norme L' α -amylase disponible dans le commerce.

Malt -amylase / -amylase standard (E-maast)

E-maast est un extrait de malt dans lequel les niveaux d' α -amylase et d' α -amylase ont été normalisés. La préparation est conçue pour être utilisée comme étalon dans la détermination de L'activité α -amylasique à l'aide de l'analyseur à débit continu Skalar et de la dextrine bêta- limite « Mégazyme ».

Préparation ;

A l'aide d'un distributeur volumétrique, ajouter 2 ml de la préparation à 98 ml de solution de chlorure de sodium à 0,5 % et mélanger soigneusement. Conserver au frais et utiliser le jour de la préparation.

Standard de travail

- ❖ 19,0 U/ml : Utiliser l'étalon de la solution mère pour l'étalonnage.
- ❖ 15,2 U/ml : Diluer 80 ml de la solution mère 19 U/ml à 100 ml avec une solution de chlorure de sodium à 0,5 %.
- ❖ 11,4 U/ml : Diluer 60 ml de solution mère 19 U/ml à 100 ml avec une solution de chlorure de sodium à 0,5 %.
- ❖ 7,6 U/ml : Diluer 40 ml de solution mère 19 U/ml à 100 ml avec une solution de chlorure de sodium à 0,5 %.
- ❖ 3,8 U/ml : Diluer 20 ml de solution mère 19 U/ml à 100 ml avec une solution de chlorure de sodium à 0,5%.

Annexe 3 : Détermination de la teneur en acides aminés libres

« Le protocole d'extraction est le même que pour la détermination de la teneur en β -glucane, pouvoir diastasique et l' α -amylase' »

Réactifs

A. Eau distillée + Brij 35 (1 litre)

Produits chimiques requis ;

Brij 35 (30%).....3ml

Préparation ; Diluer le Brij 35 dans 1 litre d'eau distillée

B. L(+) Solution d'acide ascorbique (1 litre)

Produits chimiques requis ;

L(+) solution d'acide ascorbique ($C_6H_8O_6$).....150 ml

Brij 35 (30%).....3ml

Préparation ; Dissoudre l'acide L(+) ascorbique dans ± 800 ml d'eau distillée. Remplir d'eau distillée jusqu'à 1 litre, ajouter le Brij 35 et mélanger.

C. Solution ninhydrine

Produits chimiques requis ;

Ninhydrine ($C_9H_6O_4$).....20g

Acétate de sodium (CH_3COONa).....80 g

Acide acétique (CH_3COOH)..... ± 1 ml

Préparation ; Dissoudre l'acétate de sodium dans ± 800 ml d'eau distillée. Ajuster le pH à 6,7 $\pm 0,1$ avec de l'acide acétique. Ajouter la ninhydrine et dissoudre. Remplir d'eau distillée jusqu'à 1 litre et mélanger.

D. Solution d'iodate de potassium (1 litre)

Produits chimiques requis ;

Iodate de potassiumKIO₃

Préparation ; Dissoudre l'iodate de potassium dans ± 800 ml d'eau distillée. Remplir d'eau distillée jusqu'à 1 litre et mélanger.

E. Liquide de rinçage (1 litre) ; Eau distillée

Standard acides aminés libres

Solution standard 10 000 mg N/litre (1 litre)

Produits chimiques requis ;

Glycine (C₂H₅O₂N).....53,62

Préparation ; Dissoudre la glycine dans ± 800 ml d'eau distillée. Remplir d'eau distillée jusqu'à 1 litre.

Standard de travail

- ❖ 300 mg N/litre : Dissoudre 3,0 ml de solution mère 10 000 mg N/litre à 100 ml avec l'échantillonneur de liquide de rinçage.
- ❖ 240 mg N/litre : Dissoudre 2,4 ml de solution mère 10 000 mg N/litre à 100 ml avec l'échantillonneur de liquide de rinçage.
- ❖ 180 mg N/litre : Dissoudre 1,8 ml de solution mère 10 000 mg N/litre à 100 ml avec un échantillon de liquide de rinçage.
- ❖ 120 mg N/litre : Dissoudre 1,2 ml de solution mère 10 000 mg N/litre à 100 ml avec l'échantillonneur de liquide de rinçage.
- ❖ 60 mg N/litre : Dissoudre 0,6 ml de solution mère 10 000 mg N/litre à 100 ml avec l'échantillonneur de liquide de rinçage.