



HAL
open science

Utilisation de l'électrophorèse pour étudier la dégradation dans le rumen des protéines du tourteau de colza

J Aufrère, D Graviou

► **To cite this version:**

J Aufrère, D Graviou. Utilisation de l'électrophorèse pour étudier la dégradation dans le rumen des protéines du tourteau de colza. *Annales de zootechnie*, 1994, 43 (Suppl1), pp.11s-11s. hal-00889061

HAL Id: hal-00889061

<https://hal.science/hal-00889061v1>

Submitted on 11 May 2020

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

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

Utilisation de l'électrophorèse pour étudier la dégradation dans le rumen des protéines du tourteau de colza. J Aufrère, D Graviou (INRA, unité Valeur alimentaire, station de recherches sur la nutrition des herbivores, centre de recherches de Clermont-Ferrand, 63122 Saint-Genès-Champagne, France)

Le système PDI (protéines digestibles dans l'intestin) est basé sur l'hypothèse que les protéines alimentaires solubilisées sont complètement dégradées dans le rumen. Nous avons étudié la dégradation dans le rumen des protéines d'un tourteau de colza en identifiant les protéines résiduelles par électrophorèse et en caractérisant les différentes formes azotées dans le jus de rumen. La dégradation en sachets de nylon de l'azote total (Nt) de l'aliment a été mesurée entre 0 et 48 h (dégradabilité théorique = 59,8) dans le rumen de 4 moutons recevant un régime constitué de 40% de ce tourteau et de 60% de foin. Les prélèvements de jus de rumen ont été effectués 2 j de suite avant le repas et 1 h, 2 h, 4 h, 7 h après le repas, mis immédiatement dans la glace et centrifugés 2 fois à 27 000 g pendant 20 min.

Les protéines du tourteau de colza, des fractions purifiées [cruciférine (12S), napine (2S)], des résidus des cinétiques de dégradation en sachets de nylon et du jus de rumen, ont été séparées par électrophorèse sur gel de polyacrylamide en présence de sodium-dodécylsulfate. Les globulines 12S, qui sont constituées de plusieurs sous-unités de poids moléculaires différents (PM de 18 500, 21 100, 26 800, 31 200), sont plus résistantes à la dégradation dans le rumen (on les observe jusqu'à 24 h dans les sachets), que les albumines 2S (PM 8 000 et 10 000), dont la fraction de PM 8 000 a disparu au temps 2 h et celle de PM 10 000 au temps 16 h. À 48 h, on n'extrait plus de protéines des résidus de sachets mais il est vrai qu'ils ne contiennent plus que 8% de l'azote de départ.

Dans le jus de rumen, on retrouve également des protéines 12S et 2S, 1 h après le repas. Ces résultats sont confirmés par ceux obtenus par l'analyse chimique du jus de rumen : après précipitation des protéines avec l'acide trichloracétique, on observe 23% de protéines au temps 1 h et seulement 5% pour les autres temps, tandis que l' NH_3 représente environ 60% de l'azote solubilisé.

Une certaine proportion des protéines solubilisées peut donc échapper à la dégradation

dans le rumen et fournir des acides aminés dans l'intestin grêle.

Évolution de la taille et du caractère hydrophobe des peptides (tryptone) au cours de la protéolyse par les bactéries du rumen. N Depardon, D Debroas, G Blanchart (ENSAIA - INRA, laboratoire de sciences animales, BP 172, 54505 Vandœuvre, France)

Le but de ce travail est de suivre les évolutions de la taille des peptides (tryptone) et de leur caractère hydrophobe au cours de la protéolyse par des bactéries libres du rumen prélevées chez des chèvres recevant 500 g de foin et 250 g de luzerne déshydratée. Le culot bactérien est mis en suspension dans un milieu synthétique où la tryptone (10 mg/ml) est la seule source azotée. La cinétique est réalisée en anaérobiose à 39°C sur 5 h au cours de la phase de croissance des bactéries avec 3 répétitions. L'analyse des peptides est réalisée par HPLC-gel filtration et par HPLC-phase inverse à 280 nm.

Les peptides à $t = 0$ h se répartissent en 3 classes de poids moléculaires (PM) : les grands, de 2 à 4 kDa (pI), les moyens, avoisinant 1 kDa (pII) et les petits peptides, ≤ 500 Da (pIII). À 5 h, 25% des peptides sont dégradés : les peptides pI ont presque totalement disparu, les peptides pII ont légèrement diminué et les peptides pIII n'ont pas évolué. Les peptides de plus haut PM sont apparemment dégradés le plus vite, au profit de petits peptides. La vitesse d'apparition de pIII est supérieure à leur vitesse de captation par les bactéries. Il est donc probable que l'assimilation des peptides de caséine soit l'étape limitante de la protéolyse *in vitro*.

Les peptides sont séparés selon leur hydrophobicité croissante sur C18. Les pics sont élués entre 8 et 40 min. À 5 h, le pic le plus hydrophile, élué à 9,7 min, ainsi que les pics élués entre 12 et 16 min ont disparu. Certains pics de peptides moyennement (17 min) et très hydrophobes (32 min) ont légèrement diminué alors que des peptides ayant des degrés d'hydrophobicité très différents n'ont apparemment pas subi de dégradation (de 10 à 12 min et à 24, 35 et 39 min). C'est parmi les peptides hydrophiles que se situent ceux qui sont le plus rapidement dégradés. Les peptides hydrophobes ne sont cependant pas plus résistants à la protéolyse par les bac-