

ETUDE DE LA TENDRETE DU MUSCLE PORCIN (*LONGISSIMUS DORSI*) PAR L'ANALYSE DU TRANSCRIPTOME

LIAUBET L.¹, LOBJOIS V.¹, SANCRISTOBAL M.¹, GLENISSON J.³, LE ROY P.², HATEY F.¹,
CHEREL P.³

¹INRA, UMR444 Génétique Cellulaire, Castanet-Tolosan, ²UMR INRA / AgroCampus Rennes, Génétique Animale, Rennes, ³France Hybrides, St Jean de Braye

Introduction

Les qualités des viandes de porc dépendent des caractéristiques physico-chimiques de celles-ci (Lebret, 2004), caractéristiques elles-mêmes sous l'influence de nombreux facteurs environnementaux (Monin, 2003) et génétiques (Renand et al. 2003). Parmi les qualités sensorielles, la tendreté apparaît comme un critère important du point de vue des consommateurs (Maltin et al. 2003). Les études réalisées chez le porc montrent que différentes caractéristiques histologiques (type des fibres, longueur des sarcomères) et biochimiques (contenu et type de collagène, protéolyse) peuvent contribuer à la variabilité de la tendreté de la viande de porc (Wheeler et al. 2000). Cependant, les mécanismes moléculaires responsables restent à identifier. Dans le cadre d'un projet de génomique comprenant des analyses génétiques, du protéome et du transcriptome à associer avec une cinquantaine de mesures phénotypiques, nous présentons une première étude ayant pour objectif d'identifier des gènes régulés dans le muscle en fonction de la force de cisaillement sur viande cuite (Warner-Bratzler, WBSF).

Matériel et méthodes

Les porcs utilisés étaient des animaux F2 produits à partir de deux lignées mâles commercialement utilisées pour la production de verrats terminaux (lignée FH016, de type Piétrain, et lignée FH019, lignée synthétique issue de fondateurs Large White, Duroc et Hampshire, France Hybrides). Des échantillons de muscle *Longissimus dorsi* ont été prélevés peri-mortem. Ces échantillons ont subi une cuisson dans des conditions standards. La force de cisaillement (WBSF, Shackelford et al. 2004) obtenue était la moyenne sur 10 mesures. Le transcriptome de 30 échantillons de muscle (deux échantillons extrêmes par famille F2, un haut, un bas) a été analysé, leurs WBSF variaient entre 22,68 et 55,47 Newtons.

Les ARN extraits à partir du *Longissimus dorsi* ont été hybridés après marquage radioactif sur des microarrays Nylon non commerciaux de 3456 clones provenant essentiellement d'une banque d'ADNc musculaire (GPL2731, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/geo/query/>). Ferré et al. (2007) et Lobjois et al. (2008) détaillent les procédures d'acquisition, de normalisation et les analyses statistiques des données.

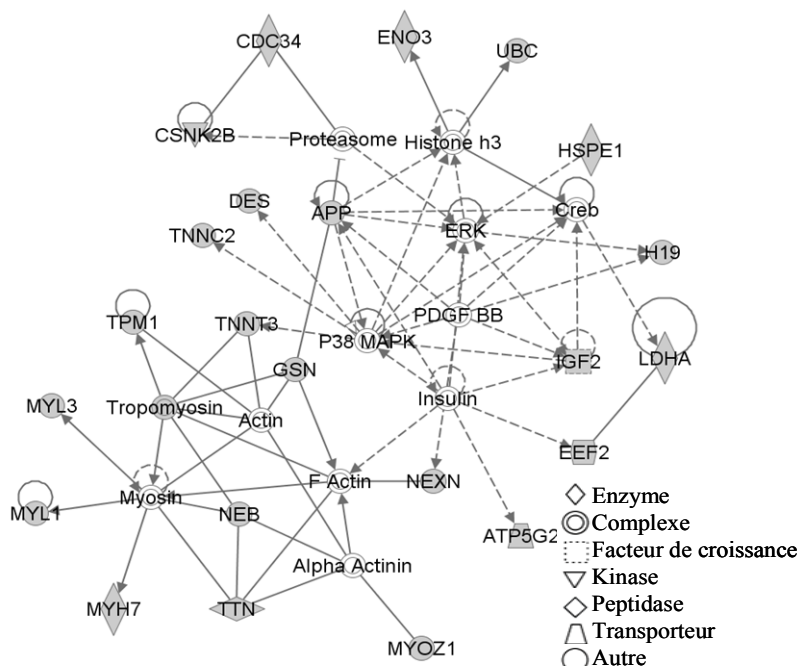


Figure 1 : Nouveau réseau incluant 23 gènes différentiels essentiellement impliqués dans le développement et la morphologie du tissu musculaire. Le logiciel étant interactif, tous les liens peuvent être vérifiés en retournant aux données bibliographiques.

Résultats et discussion

L'analyse du transcriptome des 30 échantillons s'est révélée complexe. Notamment, nous n'avons pu appliquer un modèle de régression linéaire entre la tendreté et les variations d'expression des gènes que pour les 17 échantillons ayant une force de cisaillement WBSF > 30 N. Ainsi, 63 gènes différentiels ont été identifiés (FDR < 5 %). Le logiciel Ingenuity® Pathways (<http://www.ingenuity.com>) a été utilisé pour faciliter l'annotation fonctionnelle des gènes ; ce logiciel recherche par fouille des données bibliographiques les liens pouvant exister entre les gènes différentiels et d'autres gènes, un test statistique estime si la représentation des gènes différentiels est significative dans le réseau proposé. Ainsi, 35 gènes ont été regroupés dans 3 réseaux de gènes (Lobjois et al. 2008). La Figure 1 présente un nouveau réseau. En effet, les données bibliographiques utilisées par Ingenuity® Pathways pour construire les

réseaux évoluent. Ce nouveau réseau inclut 23 gènes différentiels essentiellement impliqués dans le développement et la morphologie du tissu musculaire. Les données d'Ingenuity® Pathways concernent essentiellement l'homme, la souris et

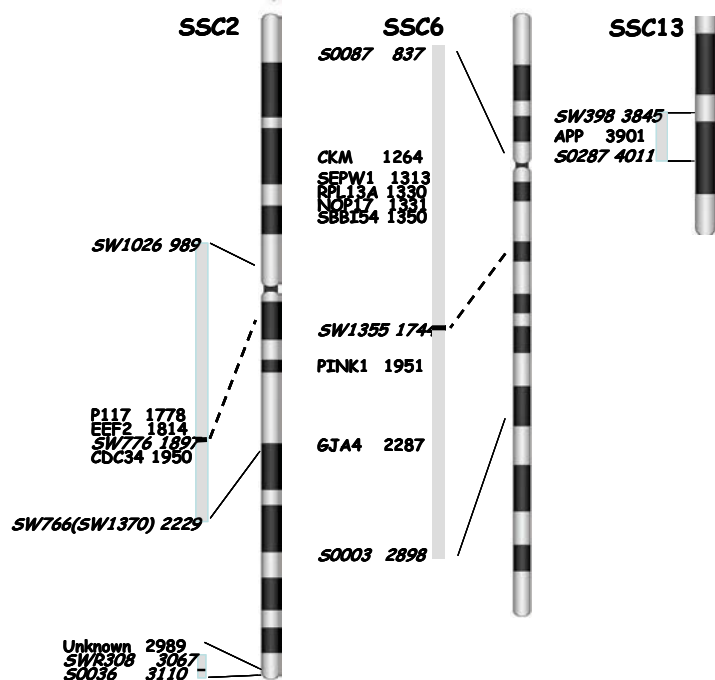


Figure 2 : Localisation de 12 gènes dans 4 QTL tendreté pour le porc (d'après Lobjois et al. 2008). Les gènes ont été localisés précisément sur le génome porc par rapport aux marqueurs (en italique) utilisés pour les QTL.

Perspectives :

Cette étude a été réalisée dans le cadre d'un projet qui inclue la recherche de QTL pour plusieurs critères de qualité de la viande, des études du protéome (Sayd et al. 2006, Laville et al. 2007) et du transcriptome. L'objectif est d'utiliser les données d'expression pour une caractérisation plus fine des phénotypes afin de rechercher des QTL d'intérêt et afin d'orienter les produits vers une utilisation adaptée. Une nouvelle approche est en cours d'analyse, la recherche de eQTL (QTL d'expression) qui permet d'identifier les régions chromosomiques régulant l'expression (transcrits ou protéines) et pour lesquelles il existe des variants génétiques dans la population analysée. L'intégration des données génétiques et fonctionnelles, ainsi que l'utilisation de méthodes statistiques appropriées, devraient permettre d'identifier des marqueurs de qualité. Déjà, la conjonction des approches statistiques de prédiction sur la base des données transcriptomiques et des données génétiques a permis de proposer un transcrit comme candidat positionnel avec l'identification d'un polymorphisme en cours de confirmation. D'autre part, la comparaison et l'intégration des données issues des analyses du transcriptome et du protéome permettent d'affiner la compréhension des mécanismes moléculaires de la tendreté chez le porc.

Références

- de Koning D.J., Harlizius B., Rattink A.P., Groenen M.A., Brascamp E.W., van Arendonk J.A., 2001. *J. Anim. Sci.*, 79, 2812-9.
- Ferre P.J., Liaubet L., Concordet D., SanCristobal M., Uro-Coste E., Tosser-Klopp G., Bonnet A., Toutain P.L., Hately F., Lefebvre H.P., 2007. *Pharmaceutical Research* 24, 1480-9.
- Laville E., Sayd T., Terlouw C., Chambon C., Damon M., Larzul C., Leroy P., Glenisson J., Cherel P., 2007. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 55, 5834-41.
- Lebret B., 2004. *Productions animales*, 17, 79-91.
- Lobjois V., Liaubet L., SanCristobal M., Glenisson J., Feve K., Rallieres J., Le Roy P., Milan D., Cherel P., Hately F., 2008. *Animal Genetics* 39, 147-62.
- Malek M., Dekkers J.C., Lee H.K., Baas T.J., Prusa K., Huff-Lonergan E., Rothschild M.F., 2001. *Mammalian Genome* 12, 637-45.
- Monin G., 2003. *Productions animales*, 16, 251-262.
- Maltin C., Balcerzak D., Tilley R., Delday M., 2003. *Proc. Nutr. Soc.*, 62, 337-47.
- Renand G., Larzul C., Le Bihan-Duval E., Le Roy P., 2003. *Productions animales*, 16, 159-173.
- Rohrer G.A., Thallman R.M., Shackelford S., Wheeler T., Koohmaraie M., 2006. *Animal Genetics* 37, 17-27.
- Sayd T., Morzel M., Chambon C., Franck M., Figwer P., Larzul C., Le Roy P., Monin G., Cherel P., Laville E., 2006. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 54, 2732-7.
- Shackelford S. D., Wheeler T. L., Koohmaraie M., 2004. *J. Anim. Sci.*, 82, 238-41.
- Szyda J., Grindflek E., Liu Z. & Lien S. (2003). *Genetical Research* 81, 65-73.
- Wheeler T. L., Shackelford S. D., Koohmaraie M., 2000. *J. Anim. Sci.*, 78, 958-65.