



Transcriptome du muscle longissimus et qualité de la viande de porc basque

Marie Damon, Katy Denieul, Bénédicte Lebret

► To cite this version:

Marie Damon, Katy Denieul, Bénédicte Lebret. Transcriptome du muscle longissimus et qualité de la viande de porc basque. 14. Journées Sciences du Muscle et Technologies des Viandes, Nov 2012, Caen, France. Institut de l'Elevage - Inra, Viandes et Produits Carnés, Hors-série, 2012, Viandes et Produits Carnés. hal-01210352

HAL Id: hal-01210352

<https://hal.science/hal-01210352>

Submitted on 3 Jun 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.

TRANSCRIPTOME DU MUSCLE LONGISSIMUS ET QUALITE DE LA VIANDE DE PORC BASQUE

DAMON M.^{1,2}, DENIEUL K.^{1,2}, LEBRET B.^{1,2}

¹ INRA, UMR1348 PEGASE, F-35590 Saint-Gilles, France

² Agrocampus Ouest, UMR1348 PEGASE, F-35000 Rennes, France

Abstract: Skeletal muscle gene expression profiling associated with meat quality in Basque pig

Muscle characteristics strongly influence the economic value, pork products and their qualities. However, biological properties leading to high sensory quality remain unclear. In this context, the local Basque breed genetically distant from other European pure breeds of pigs, characterized by a slow growth rate, a high adiposity and high sensory meat quality is a relevant model to study the development of pork quality. To understand the biological phenomena underlying muscle characteristics and meat quality, we studied the muscle transcriptome of Basque pigs reared in 3 different rearing systems. We investigated the relationships between the expression of 12 selected genes, and technological and sensory meat quality traits.

Introduction

Les caractéristiques musculaires influencent fortement la valeur économique et la qualité des produits de la filière porcine. Cependant, les propriétés biologiques conduisant à une qualité sensorielle élevée ne sont pas clairement identifiées. Dans ce cadre, le porc Basque, une race locale génétiquement « distante » d'autres races européennes¹, caractérisée par une croissance lente, une forte aptitude à déposer des lipides et une viande de qualité sensorielle élevée, est un modèle pertinent pour étudier le déterminisme de la qualité de la viande de porc [1]. Afin d'appréhender les phénomènes biologiques sous-jacents, nous avons analysé le transcriptome musculaire de porcs Basques élevés dans différents systèmes d'élevage et recherché la relation entre l'expression de 12 gènes et des caractères technologiques et sensoriels de qualité de la viande.

Matériels et méthodes

Dispositif expérimental. Le dispositif comportait 2 répétitions (R1 et R2) incluant chacune 30 porcs mâles castrés de race pure Basque élevés en système d'élevage conventionnel (caillebotis, C, n=10), alternatif (litière avec libre accès à une courrette extérieure, A, n=10) ou extensif Basque (E, n=10), abattus au poids de 150 kg. Trente minutes post-mortem, un échantillon de muscle Longissimus *lumborum* (LL) a été prélevé pour les analyses transcriptomiques. Le lendemain, le pH ultime (pHu) et la couleur (luminosité, L* et angle de teinte, h°) ont été déterminés. Un échantillon de LL a été prélevé pour détermination de la teneur en lipides intramusculaires (LIM). Après 4 j de maturation, le LL a été prélevé, mis sous vide et congelé pour détermination de la force de cisaillement (FC, mesurée selon Warner-Bratzler) après cuisson [2].

Hybridation et traitement des données des puces. Les ARN totaux ont été extraits au Trizol puis les échantillons et la référence ont été marqués au Cy3 ou Cy5, respectivement. L'hybridation, l'acquisition des images et la quantification des signaux bruts ont été réalisés comme décrit précédemment [3]. Les données d'expression ont été ajustées pour un effet série d'hybridation (6 modalités) avant d'effectuer l'analyse d'expression différentielle. Une ANOVA sur les résidus a été réalisée pour tester l'effet du mode d'élevage (3 modalités : C, A, E). Une correction Benjamini et Hochberg pour les tests multiples a été appliquée en utilisant un seuil d'ajustement de 5%⁴. Un test de Tukey a ensuite été réalisé pour comparer les 3 groupes 2 à 2.

Analyse fonctionnelle. L'analyse d'enrichissement de processus biologiques, des composants cellulaires et des fonctions moléculaires, a été effectuée en utilisant l'outil DAVID (<http://david.abcc.ncifcrf.gov/>) et un seuil de signification statistique de 10%.

RT-PCR en temps réel. Les RT-PCR ont été effectuées sur les échantillons analysés en transcriptomique (R1) ainsi que sur les échantillons de la seconde répétition du dispositif (R2). L'ADNc a été synthétisé à partir de 2 µg d'ARN. Des amorces ont été conçues à l'aide du logiciel Primer Express et les PCR et la quantification de l'expression des gènes ont été réalisées comme décrit précédemment [4].

Corrélations entre les expressions géniques et la qualité. Les coefficients de corrélation de Pearson ont été calculés avec R [5] entre l'expression des 4550 sondes et 5 critères de qualité (LIM, pHu, FC, L* et h°) en appliquant une correction pour tests multiples [6]. Les coefficients de corrélation de Pearson ont également été calculés pour les expressions de gènes mesurées par RT-PCR.

Résultats et Discussion

L'analyse des données du transcriptome montre que 400 séquences sont différentiellement exprimées entre les 3 conditions d'élevage : 10 entre les modes d'élevage C et A, et 390 entre les modes d'élevage C ou A, et E. Ces 390 séquences correspondent à 267 gènes qui sont soit sur-exprimés chez les porcs E (n=117), soit sur-exprimés chez les

porcs C ou A (n=150). Les mesures par RT-PCR quantitative de l'expression de 10 gènes fortement différentiels permettent de valider nos résultats (données non montrées). L'analyse fonctionnelle des processus biologiques associés aux différences d'expression génique entre les modes d'élevage met en exergue 8 clusters (Tableau 1). Six clusters caractérisent les porcs E tandis que 2 clusters se rapportent aux porcs A ou C. Ainsi les gènes contrôlant la structure musculaire (CRYAB, HSPB1, CSRP3, ANKRD2, ANKRD1) et impliqués dans la réponse thermique (HSPB8, HSPB1) sont plus exprimés chez les porcs E. Par ailleurs, de nombreuses corrélations ont été établies entre les niveaux d'expression géniques obtenus sur puce et 5 caractères technologiques et sensoriels : pHu, L*, h°, LIM et FC. Douze gènes parmi ceux fortement corrélés à au moins 1 caractère ont été retenus pour confirmation de ces corrélations par RT-PCR sur les mêmes animaux (R1, n=30), puis testés pour validation sur d'autres animaux du même dispositif (R2, n=30). Dix-huit corrélations ($P < 0,05$) ont ainsi été validées ($5\% \leq R^2 \leq 60\%$, Tableau 2).

Tableau 1. Annotations fonctionnelles enrichies selon le mode d'élevage (E, élevage extensif ; A, élevage alternatif ; C : élevage conventionnel)

Cluster	Mode d'élevage	nombre de gènes	Ontologie associée	P
1	E	11	GO:0030016~myofibril	$7.8E^{-7}$
2	E	23	GO:0005856~cytoskeleton	$4.3E^{-4}$
3	E	9	GO:0009266~response to temperature	$3.9E^{-3}$
4	E	11	GO:0006986~response to unfolded protein	$3.7E^{-2}$
5	E	7	GO:0016791~phosphatase activity	$2.4E^{-2}$
6	E	8	GO:0016564~transcription repressor activity	$2E^{-2}$
7	A ou C	8	GO:0006325~chromatin organization	$7.5E^{-2}$
8	A ou C	8	GO:0051301~cell division	$2.7E^{-2}$

Tableau 2. Corrélations (coefficients r, Pearson) entre l'expression de 12 gènes et 5 caractères de qualité, établies par transcriptomique (T, n=30) et RT-PCR (R1, n=30 et R2, n=30).

		PPP1R3	FHOD1	HPS1	ANKRD1	CA3	OTUD1	ZNF24	ZNF503	DHRS1	SCD	ARL5B	NHEDC2
pHu	T				0.54		0.61		-0.67			0.69	-0.73
	R1				0.72		0.63		-0.42			0.53	-0.41
	R2				0.73		0.39		-0.43			0.66	-0.37
L*	T			0.77	-0.43		-0.58		0.5				
	R1			0.58	-0.54		-0.49		0.39				
	R2			0.50	-0.43		-0.46		0.40				
h°	T		-0.72	0.77	-0.51	0.4	-0.58	0.37					
	R1		-0.71	0.57	-0.56	0.48	-0.51	0.40					
	R2		-0.23	0.53	-0.38	0.52	-0.51	0.40					
LIM	T									-0.51	0.53		
	R1									-0.44	0.55		
	R2									-0.37	0.31		
FC	T	0.60											
	R1	0.61											
	R2	0.43											

PPP1R3, protein phosphatase 1, regulatory subunit 3C ; FHOD1, formin homology 2 domain containing 1 ; HPS1, Hermansky-Pudlak syndrome 1 ; ANKRD1, ankyrin repeat domain 1 ; CA3, carbonic anhydrase 3 ; OTUD1, OTU domain containing 1 ; ZNF24, zinc finger protein 24 ; ZNF503, zinc finger protein 503 ; DHRS1, dehydrogenase/reductase (SDR family) member 1 ; SCD, stearyl-CoA desaturase (delta-9-desaturase) ; ARL5B, ADP-ribosylation factor-like 5B ; NHEDC2, Na⁺/H⁺ exchanger domain containing 2.

Conclusions

La filière porc Basque produit une viande de qualité élevée et l'analyse du transcriptome musculaire montre que des profils d'expression géniques spécifiques (structure et réponse thermique) peuvent être associés au mode d'élevage extensif. Ainsi, ANKRD1 proposé comme marqueur de qualité (couleur, perte en eau, pHu) chez le porc [7], est plus exprimé chez les porcs E. Par ailleurs, nous observons des différences entre le porc et les bovins car de nombreux marqueurs négativement associés à la tendreté chez les bovins (CRYAB, HSPB1, CSRP3) [8] sont plus exprimés chez les porcs E dont la viande n'est pas moins tendre. Enfin, l'expression de plusieurs gènes (HPS1, ANKRD1, ARL5B) est fortement corrélée aux caractères de qualité de la viande. Le porc Basque est donc un modèle d'étude pertinent pour mieux appréhender la qualité de la viande et identifier des marqueurs des caractères technologiques et sensoriels.

Les auteurs remercient les personnes de la Filière Porc Basque et des unités INRA SENAH, EASM et QuaPA qui ont participé à l'étude. Les auteurs remercient la participation de la Communauté Européenne, 6^e PCRD, pour le Projet Intégré Q-PORKCHAINS FOOD-CT-2007-036245. Les résultats et conclusions de cet article sont sous la seule responsabilité des auteurs et ne reflètent pas nécessairement la position de la Communauté Européenne

1. Laval G et al. (2000) Genet Sel Evol 32: 187-203.
2. Guéblez R. et al. 2002. Techni-Porc, 25, 5-15.
3. Lebreton B. et al., 2011. Journées Rech. Porcine, 43, 39-46.
4. Damon M et al. 2012. PLoS One, 7: e33763.
5. Benjamini Y, Hochberg Y. 1995. J Royal Statist Soc Ser B 57, 289-300.
6. R version 2.8.1, R Development Core Team, 2008
7. Ponsuksili S et al. 2009. Funct.Integ. Genomics 9:455-471
8. Bernard C et al. (2007) J Agric Food Chem. 55:5229-37.