

Modifications de l'expression des gènes du métabolisme énergétique associées au potentiel de croissance musculaire de taurillons Charolais

Expression of genes involved in energy metabolism according to muscle growth potential in Charolais bull calves

BERNARD C. (1), CASSAR-MALEK I. (1), RENAND G. (2), HOCQUETTE J.F. (1)

(1) INRA, UR1213, Unité de recherches sur les herbivores, Theix, 63122 Saint-Genès-Champanelle

(2) INRA, UR337, Station de génétique quantitative et appliquée, 78352 Jouy-en-Josas

INTRODUCTION

En France, la sélection génétique bovine est orientée en faveur d'un fort développement musculaire, au dépens des dépôts adipeux, afin d'augmenter la production de viande avec des carcasses plus maigres. Cette sélection induit des modifications des caractéristiques musculaires et par conséquent des qualités sensorielles de la viande bovine (Renand *et al.*, 1994, Sudre *et al.*, 2005).

L'objectif de cette étude était d'identifier des gènes différentiellement exprimés en fonction du potentiel de croissance musculaire chez le taurillon, afin de mieux comprendre l'effet de cette sélection sur les caractéristiques musculaires, avec pour objectif final de maîtriser la variabilité de la qualité de la viande bovine.

1. MATERIEL ET METHODES

Cette étude a été conduite à partir de 25 taurillons Charolais de 15 mois (n = 13) ou de 19 mois (n = 12) sélectionnés de façon divergente sur leur potentiel de croissance musculaire (fort ou faible) (dispositif "Vachotron de l'INRA" coordonné par G. Renand). Notre stratégie a consisté à analyser et comparer le transcriptome du muscle *Longissimus thoracis* (LT, entrecôte en boucherie) de ces animaux en fonction de leur potentiel de croissance musculaire estimé grâce à un indice de sélection synthétique. Les animaux ont été caractérisés en terme de performance de croissance (masse musculaire et dépôt adipeux) et de propriétés musculaires (activités enzymatiques oxydatives [COX, CS, ICDH] ou glycolytique [LDH], contenu lipidique, caractéristiques du collagène), comme décrit par Cassar-Malek *et al.* (2004) et Sudre *et al.* (2005). Les données d'expression ont été obtenues à l'aide de puces à ADN et analysées statistiquement comme décrit par Bernard *et al.* (2007). Une analyse de variance des données de composition de la carcasse et des données biochimiques a été réalisée en utilisant la procédure GLM (SAS, 1996). Afin de calculer le pourcentage de la variabilité de la croissance musculaire expliquée par les caractéristiques musculaire et les niveaux d'expression des gènes, une étude de corrélation a été réalisée en utilisant le logiciel Statistica (StatSoft, France).

2. RESULTATS

2.1. EFFET DE LA SELECTION GENETIQUE ET DE L'AGE

L'impact de la sélection génétique sur les caractéristiques musculaires est aussi élevé que celui de l'âge (19 vs. 15 mois) (tableau 1). Les animaux à fort potentiel de croissance musculaire sont caractérisés par des différences très significatives du poids de muscle (+ 17 % ; p < 0,001) et du contenu en gras de la carcasse (- 17 % ; p < 0,05). L'activité oxydative COX du muscle LT est influencée par l'âge (+ 41,6 % ; p < 0,01) mais pas par le type génétique, alors que les teneurs en lipides et triglycérides intramusculaires sont seulement affectées par le type génétique (- 35,0 % et - 47,3 % ; p < 0,01 respectivement).

Tableau 1 : Influence du génotype et de l'âge sur la composition de la carcasse et les caractéristiques musculaires

	Génotype (G)		Age (A)		Effets
	Faible	Fort	15 mois	19 mois	
<i>Composition de la carcasse</i>					
Muscle (kg)	260	304	245	319	G***,A***
Dépôt adipeux (kg)	65,6	54,5	55,2	64,9	G*,A*
<i>Activités enzymatiques</i>					
COX ($\mu\text{mol}\cdot\text{min}^{-1}\cdot\text{g}^{-1}$)	11,0	10,5	8,9	12,6	A**
CS ($\mu\text{mol}\cdot\text{min}^{-1}\cdot\text{g}^{-1}$)	4,3	3,9	4,2	4,0	
ICDH ($\mu\text{mol}\cdot\text{min}^{-1}\cdot\text{g}^{-1}$)	1,1	1,0	1,0	1,1	
LDH ($\mu\text{mol}\cdot\text{min}^{-1}\cdot\text{g}^{-1}$)	958	1019	1034	943	
<i>Caractéristiques musculaires</i>					
Lipides ($\text{mg}\cdot\text{g}^{-1}$)	28,8	18,7	24,2	23,4	G**
Phospholipides ($\text{mg}\cdot\text{g}^{-1}$)	6,9	7,1	7,1	6,9	
Triglycérides ($\text{mg}\cdot\text{g}^{-1}$)	18,8	9,9	14,4	14,2	G**
Collagène total ($\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}\text{MS}$)	4,0	3,4	3,6	3,8	
Collagène insoluble ($\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}\text{MS}$)	2,9	2,7	2,9	2,8	
Surface de fibres (μm^2)	2498	2512	2404	2607	

2.2. MODIFICATION DES PROFILS D'EXPRESSION GENIQUE

L'analyse des données d'expression a permis d'identifier 262 gènes différentiels selon le potentiel de croissance musculaire. Parmi ceux-ci, 173 ont des variations d'expression similaires aux deux âges dont 88 sont sur-exprimés et 85 sont sous-exprimés chez les animaux à fort potentiel de croissance.

Les données transcriptomiques ont révélé la sur-expression d'environ 2/3 des gènes impliqués dans la glycolyse chez les animaux de 15 et de 19 mois à fort potentiel de croissance. Par ailleurs, l'expression de gènes impliqués dans le métabolisme oxydatif (cycle du citrate) est sous-réglée à 15 mois. Le niveau d'expression de certains gènes (FGF6, PLD2), impliqués dans des voies d'hypertrophie musculaire (voie de signalisation mTOR), est corrélé à l'augmentation de la masse musculaire indépendamment de leur masse grasse. D'autre part, l'intégration des résultats montre que les gènes dont l'expression est modifiée par la sélection génétique sont différents de ceux associés aux qualités sensorielles des viandes (Bernard *et al.*, 2007).

CONCLUSION

La sélection génétique en faveur du potentiel de croissance musculaire induit des changements dans l'expression des gènes musculaires. Elle est associée à une augmentation du métabolisme glycolytique et une réduction du métabolisme oxydatif, spécialement à 15 mois. L'expression différentielle de certains gènes est impliquée dans le développement de la masse musculaire indépendamment du dépôt de gras. Cependant, aucun de ces gènes n'est associé aux qualités sensorielles de la viande suggérant que la sélection pour la croissance musculaire ne modifierait pas de façon significative la qualité de la viande.

Cette étude a bénéficié d'un financement de l'Agence Nationale de la Recherche et d'APIS-GENE (GENANIMAL, programme national AGENAE) pour le programme "MUGENE" (GENEs of the MUScle tissue).

Bernard C. *et al.* 2007. *J. Agric. Food Chem.* Sous presse.

Cassar-Malek I. *et al.* 2004. *Anim. Sci.* 79, 49-59

Renand G. *et al.* 1994. *Appl. Livest. Prod.*, 19, 446-449

Sudre K. *et al.* 2005. *Meat Sci.* 70, 267-277