

Primo-localisation de QTL de qualité de la viande dans deux races bovines allaitantes françaises.

A first QTL of meat quality location in two French beef breeds.

ALLAIS S. (1), LEVEZIEL H. (2), HOCQUETTE J.F. (3), LEPETIT J. (4), ROUSSET S. (5), DENOYELLE C. (6), CAPEL C. (6), JOURNAUX L. (1), RENAND G. (7)

(1) UNCEIA, 75595 PARIS Cedex 12

(2) INRA/Université de Limoges, UMR 1061, 87060 LIMOGES

(3) INRA, UR 1213, 63122 SAINT GENES CHAMPANELLE

(4) INRA, UR 370, 63122 SAINT GENES CHAMPANELLE

(5) INRA, UMR 1019, 63001 CLERMONT-FERRAND

(6) Institut de l'élevage, 75595 PARIS Cedex 12

(7) INRA, UR 1313, 78352 JOUY EN JOSAS Cedex

INTRODUCTION

Pour regagner la confiance des consommateurs, les producteurs français de viande bovine souhaitent assurer la qualité de la viande de leurs animaux. La création de filières de qualité ne peut malheureusement pas reposer sur les méthodes de sélection classiques sur performances puisque les qualités de la viande ne sont pas mesurées en routine, car coûteuses et complexes à mesurer. Dans ce contexte, le programme Qualvigène a été mis en place afin de mettre en évidence des marqueurs génétiques impliqués dans les qualités de la viande bovine.

1. MATERIEL ET METHODE

1.1. MATERIEL

L'étude porte sur 248 et 243 taurillons de races Limousine (34) et Blonde d'Aquitaine (79), issus de six taureaux en contrôle sur descendance (trois dans chaque race) et abattus entre 2004 et 2006. Le taux de lipides intramusculaires a été mesuré sur le muscle *Longissimus Thoracis* des jeunes bovins et les qualités sensorielles (tendreté, jutosité, flaveur) de la viande ont été évaluées par un jury de dégustateurs (Allais *et al.*, 2008). La force de cisaillement de la viande ainsi que la clarté ont également été mesurées. Les jeunes bovins et leurs pères ont été génotypés pour 160 microsatellites et 26 SNP sur tout le génome. L'intervalle moyen entre marqueurs est de 19 cM.

1.2. METHODE

La recherche de QTL est réalisée en deux étapes (Elsen *et al.*, 1999). La probabilité qu'un descendant ait reçu l'une ou l'autre phase de son père est tout d'abord calculée en chaque point du génome puis une régression intrapère est réalisée, chromosome par chromosome, tous les 1 cM selon le modèle : $y_{ij} = s_i + (2p_{ij} - 1) * a_i + e_{ij}$

La variable y_{ij} est la performance du fils j du père i, après correction de l'effet fixe du groupe de contemporain (lot d'abattage ou date de l'analyse sensorielle) pour tous les caractères. Pour chaque position x sur le génome, s_i est l'effet du père i, a_i est l'effet de la phase 1 du père i, p_{ij} est la probabilité que le fils j ait reçu la phase 1 de son père i et e_{ij} est la résiduelle du modèle. La vraisemblance du modèle obtenue est alors comparée à celle d'un modèle sans QTL. Toutes les analyses ont été réalisées avec le logiciel QTLMAP développé à l'INRA (Elsen *et al.*, 2009).

2. LES RESULTATS DU GENOME SCAN

Les principaux QTL de qualité de la viande bovine détectés dans cette étude sont présentés dans le tableau 1. La densité de marqueurs étant faible, la longueur de l'intervalle de confiance de ces QTL se situe entre 10 et 70 cM (en moyenne 40 cM). Peu de QTL d'un même caractère sont communs entre les deux races, ce qui confirme la spécificité génétique des deux races. Malgré la faible

héritabilité des analyses sensorielles, plusieurs régions du génome sont apparues associées aux qualités organoleptiques de la viande. Une même région du chromosome 23 en race Limousine semble même impliquée à la fois dans la tendreté, la jutosité et la flaveur de la viande. Les effets des QTL sont situés en moyenne autour de 1/3 d'écart type phénotypique.

Tableau 1 : liste des QTL de qualité de la viande détectés

race	Chromosome	caractères	h ²	position (cM)	effet du QTL/ σ_p^*
34	3	taux de lipides (%)	0,23	86,0	0,28
34	6	note de tendreté (/100)	0,12	115,0	0,31
34	6	taux de lipides (%)	0,23	108,0	0,27
34	9	taux de lipides (%)	0,23	30,8	0,22
34	12	clarté	0,10	0,0	0,18
34	20	note de flaveur (/100)	0,05	31,9	0,22
34	23	note de tendreté (/100)	0,12	12,9	0,44
34	23	note de jutosité (/100)	0,07	12,9	0,34
34	23	note de flaveur (/100)	0,05	31,9	0,23
79	7	force de cisaillement (N/cm ²)	0,23	89,4	0,25
79	7	note de tendreté (/100)	0,21	129,4	0,24
79	9	clarté	0,23	16,8	0,21
79	9	taux de lipides (%)	0,19	71,8	0,49
79	10	note de tendreté (/100)	0,21	84,9	0,29
79	13	note de jutosité (/100)	0,06	44,0	0,28
79	21	force de cisaillement (N/cm ²)	0,23	9,0	0,21
79	23	note de tendreté (/100)	0,21	66,9	0,26
79	26	taux de lipides (%)	0,19	21,5	0,25
79	XY	note de flaveur (/100)	0,04	3,0	0,28

* σ_p = écart-type phénotypique

CONCLUSION

Cette primo-localisation de QTL illustre tout l'enjeu de l'utilisation de marqueurs dans la sélection en bovins allaitants. Elle constitue une première étape vers une cartographie fine de QTL des qualités de la viande et l'identification de gènes impliqués dans ces caractères.

Ce travail a bénéficié de l'appui financier de l'ANR, APIS-GENE, l'Office de l'élevage et le FNE.

Allais S., Leveziel H., Hocquette J.F., Lepetit J., Denoyelle C., Bernard C., Bonnot A., Journaux L et Renand G., 2008. Renc. Rech. Ruminants, 15, 419-422.

Elsen J.M., Mangin B., Goffinet B., Boichard D. Le Roy P., 1999. Genet. Sel. Evol., 31, 213-224.

Elsen J.M., Filangi O., Gilbert H., Legarra A., Le Roy P., Moreno-Romieux C., 2009. 60th Annual Meeting of the EAAP.