



HAL
open science

Génomique et viande : quelles avancées, quelles applications ?

Brigitte B. Picard, Cécile Berri, Bénédicte Lebret, Florence Lefèvre, Laurence Liaubet, Marie M. Damon, Elisabeth Le Bihan-Duval, Isabelle Cassar-Malek, Jean-François J.-F. Hocquette, Gilles G. Renand

► To cite this version:

Brigitte B. Picard, Cécile Berri, Bénédicte Lebret, Florence Lefèvre, Laurence Liaubet, et al.. Génomique et viande : quelles avancées, quelles applications?. 14. Journées Sciences du Muscle et Technologies des Viandes, Nov 2012, Caen, France. pp.127-134. hal-01001256

HAL Id: hal-01001256

<https://hal.science/hal-01001256>

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.

GENOMIQUE ET VIANDE : QUELLES AVANCEES, QUELLES APPLICATIONS ?

PICARD B.¹, BERRI C.², LEBRET B.^{3,4}, LEFEVRE F.⁵, LIAUBET L.⁶, DAMON M.^{3,4},
LE BIHAN-DUVAL E.², CASSAR-MALEK I.¹, HOCQUETTE J.F.¹, RENAND G.⁷

¹INRA, VetAgro Sup, UMR1213 Herbivores, F-63122 Saint-Genès-Champanelle

²INRA, UR83 Recherches Avicoles, F-37380 Nouzilly

³INRA, UMR1348 Pegase, F-35590 Saint-Gilles

⁴Agrocampus Ouest, UMR1348 Pegase, F-35000 Rennes

⁵INRA, UR1037 Physiologie et Génomique des Poissons, F-35042 Rennes

⁶INRA, UMR444 Laboratoire de Génétique Cellulaire, F-31326 Castanet Tolosan

⁷INRA, UMR1313 Génétique Animale et Biologie Intégrative, 78352 Jouy en Josas

Abstract : Meat and genomics : which progress and applications ?

The development of genomics tools is a considerable technological progress that allows the simultaneous analysis of thousands of genes (SNP chips), transcripts (transcriptomics) and proteins (proteomics). Using these technologies allows the measurement of complex phenotypes such as traits related to product quality. The objective of this review is to present the various studies conducted the last years in various meat industry to identify biomarkers of meat quality. The text is based on the strategy developed by each sector in terms of meat quality.

Introduction

La génomique est l'étude de la structure, la fonction et l'évolution des génomes. Grâce au séquençage des génomes, il est maintenant possible d'identifier et de localiser des dizaines de milliers de gènes d'un génome (génomique structurale). Les informations ainsi disponibles peuvent être utilisées à des fins de connaissances, sélection ou diagnostic (La Révolution Génomique, 2011). La première espèce d'intérêt agronomique dont le génome a été séquencé est le poulet puis ont suivi les espèces bovine, porcine, équine, ovine... et quelques espèces de poissons. Le développement des outils de séquençage a par ailleurs contribué à l'essor de la génomique fonctionnelle ou expressionnelle, qui s'intéresse au fonctionnement des génomes, grâce notamment à la possibilité d'analyser simultanément des milliers de polymorphismes génétiques (puce SNP), de transcrits (transcriptomique) ou de protéines (protéomique) sur des puces dédiées. L'objectif est d'identifier des gènes et/ou protéines dont l'expression ou l'abondance est associée à la mesure d'un phénotype d'intérêt tel qu'un caractère de qualité de viande. On parle alors de gènes marqueurs ou de biomarqueurs d'un phénotype qui peuvent être utilisés pour prédire ce phénotype ou à des fins de recherches pour mieux comprendre l'élaboration du phénotype en lien avec les facteurs d'élevage. Au cours des dernières années, ces technologies ont été mises en œuvre pour la plupart des filières de production de viandes. L'objet de cette synthèse est de faire le bilan pour chaque filière des connaissances acquises grâce aux études de génomique, de présenter certaines applications issues de ces travaux ainsi que les perspectives à entrevoir au regard de l'évolution actuelle des technologies à haut débit.

I - Génomique structurale

La variabilité génétique trouve son origine dans le polymorphisme de très nombreux gènes impliqués plus ou moins directement dans les fonctions biologiques participant à l'expression des caractères. Si la majorité des mutations à l'origine de ces polymorphismes ont des effets non quantifiables car trop faibles, certaines peuvent toutefois être détectées si leur effet biologique sur le caractère est suffisamment marqué et si leur fréquence est suffisante dans la population étudiée. C'est ainsi que quelques gènes hébergeant une mutation dont l'effet sur le caractère est extrême, dénommés « gènes majeurs », ont été mis en évidence dans quasiment toutes les espèces domestiques destinées à la production de viande. C'est par exemple le cas des mutations dans le gène GDF8 des bovins affectant la synthèse de la myostatine qui, à l'état homozygote, ont pour conséquence le phénotype hypermusclé « culard ». Sans aller à des effets aussi extrêmes que rares, l'étude du déterminisme génétique des caractères montre qu'il existe une gamme de polymorphismes dont l'effet est suffisamment marqué pour qu'ils soient détectés, et exploités en sélection.

La génomique structurale a pour objectif de détecter les régions génomiques présentant des mutations causales, en analysant la variabilité du caractère étudié conjointement au polymorphisme de marqueurs moléculaires répartis tout au long du génome. Les premiers programmes de détection de ces régions dénommées QTL (Quantitative Trait Locus) ont été mis en œuvre par analyse de liaison intra-famille avec des marqueurs microsatellites. Ces populations ressources sont généralement issues de croisements entre races très différentes afin d'augmenter la probabilité de ségrégation des allèles (copie mutée ou non) au QTL. Une vingtaine d'expérimentations ont ainsi été mises en œuvre en production porcine et de nombreux QTL des qualités de la viande ont été détectés (Hu et al., 2007). Dans le cas des bovins, il n'existe au niveau mondial que cinq populations ressources phénotypées pour la qualité de la viande, qui ont toutefois permis de détecter 14 QTL de la tendreté répartis sur 10 chromosomes (Hu et al., 2007). Chez le poulet, deux populations ressources issues de croisements expérimentaux entre animaux contrastés pour la croissance et la

VIANDES & PRODUITS CARNÉS

LA REVUE FRANÇAISE DE LA RECHERCHE EN VIANDES ET PRODUITS CARNÉS

HORS-SÉRIE

14^e journées « Sciences du Muscle et Technologies des Viandes »

13 et 14 novembre 2012 à Caen

JSMTV



Avec le soutien financier de



CAENA





Session

Bases Biologiques de la Qualité et Génétique/Génomique

