



HAL
open science

Détection fine de QTL de tendreté de la viande dans trois races allaitantes françaises

Sophie Allais, Laurent Journaux, Jacques Lepetit, Sylvie Rousset, Christophe Denoyelle, Carine Bernard-Capel, Jean-François J.-F. Hocquette, Marie-Noelle Rossignol, Gilles Renand

► To cite this version:

Sophie Allais, Laurent Journaux, Jacques Lepetit, Sylvie Rousset, Christophe Denoyelle, et al.. Détection fine de QTL de tendreté de la viande dans trois races allaitantes françaises. 14. Journées Sciences du Muscle et Technologies des Viandes, Nov 2012, Caen, France. 2012. hal-01193865

HAL Id: hal-01193865

<https://hal.science/hal-01193865>

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.

DÉTECTION FINE DE QTL DE TENDRETÉ DE LA VIANDE DANS TROIS RACES ALLAITANTES FRANÇAISES

ALLAIS S.^{1,2}, JOURNAUX L.², LEPETIT J.³, ROUSSET S.⁴, DENOYELLE C.⁵, BERNARD-CAPEL C.⁵, HOCQUETTE J.F.⁶, LEVEZIEL H.^{7,8}, ROSSIGNOL M.N.⁹, RENAND G.¹

¹INRA, UMR 1313, 78350 Jouy en Josas; ²UNCEIA, 75595 Paris Cedex 12; ³INRA, UR 370, 63122 Theix; ⁴INRA, UMR 1019, 63122 Theix; ⁵Institut de l'Élevage, 75595 Paris Cedex 12; ⁶INRA, UMR 1213, 63122 Theix; ⁷INRA, UMR 1061, 87060 Limoges; ⁸Université de Limoges, UMR 1061, 87060 Limoges; ⁹Labogena, 78350 Jouy en Josas.

Abstract: Fine mapping of meat tenderness QTL in three French beef breeds.

Without routine measurement of sensory meat quality traits, breeding companies wonder how to take advantage of the genetic variability of these traits at the molecular level. The projects “Qualvigène” and “Qualvigène + ABQV” were set in to find markers associated to beef quality therefore. A total of 1,059 Charolais, 1,219 Limousin and 947 Blond d'Aquitaine purebred young bulls from respectively 48, 36 and 30 sire families were genotyped with the Illumina Bovine SNP50® Beadchip. Two meat tenderness traits were measured: shear force and tenderness score. QTLs were detected with a methodology combining linkage disequilibrium and linkage analysis on haplotypes. If we consider the significant positions at the 1% threshold and separated by a minimum distance of 4cM, we found about 20 QTLs per trait in each of the three breeds, with a maximum of 35 QTL for shear force in the Blonde d'Aquitaine breed. Some QTL were common across two or three breeds as a QTL of shear force on the chromosome 3 between 16 and 21cM. Most of the other QTLs were breed-specific. The results were also consistent with previous studies of candidate genes (calpastatin and calpain 1 genes).

Introduction

La tendreté de la viande est un élément essentiel pour la satisfaction des consommateurs. La mesure des qualités sensorielles étant très complexe et onéreuse, un phénotypage de routine n'est pas envisageable. Par conséquent, les entreprises de sélection se sont interrogées sur les possibilités d'exploiter la variabilité génétique des qualités sensorielles au niveau moléculaire, afin d'identifier des marqueurs génétiques impliqués dans la qualité de la viande bovine. La disponibilité de puces à SNP haut débit a permis d'améliorer considérablement la puissance des détectations de QTL. L'objectif de cette étude est d'identifier des régions du génome associées à des variations de tendreté de viande dans trois races allaitantes françaises : Charolaise, Limousine et Blonde d'Aquitaine.

Matériels et Méthodes

Cette étude a été réalisée dans le cadre du programme Qualvigène + ABQV qui fait suite à Qualvigène. Le dispositif expérimental est constitué de 3349 jeunes bovins (JB) soit 1114 Charolais, 1254 Limousins et 981 Blonds d'Aquitaine, issus respectivement de 48, 36 et 30 pères. Les JB limousins et Blonds d'Aquitaine ont été abattus à 16 et 14 mois respectivement alors que les JB Charolais ont été abattus à 730 kg de poids vif, selon les protocoles de testage sur descendance en station des taureaux d'insémination animale. Deux steaks de 6 cm d'épaisseur, tranchés à 24h *post-mortem* dans le muscle Longissimus thoracis (LT) au niveau des 8^{ème} et 9^{ème} côtes ont été congelés après 14 jours de maturation. Ces steaks ont été cuits sur grill à 55°C à cœur. Un jury de 12 membres entraînés, spécifique de chaque race, a dégusté le premier steak et attribué une note de tendreté (NT) comprise entre 0 et 100 à chaque échantillon. La moyenne d'une douzaine de mesures de la force de cisaillement (FC, méthode Warner-Bratzler) a été déterminée sur le second steak.

A partir de l'ADN extrait d'aliqots de viande, 1059 JB Charolais, 1219 JB Limousins et 947 JB Blonds ont pu être génotypés sur la puce bovine SNP50® d'Illumina. Un génotypage des pères a également été réalisé à partir d'échantillons de semence. Les haplotypes ont été reconstruits selon la méthode de Druet et Georges (2010). Ensuite, une analyse Linkage Disequilibrium and Linkage Analysis (LDLA) a été effectuée selon la méthode de Meuwissen et al. (2002) et en utilisant le programme développé par Druet et al. (2008). Une statistique de test appelée Likelihood Ratio Test (LRT) qui est un rapport entre le modèle H0 (il n'y pas de QTL) et le modèle H1 (il existe un QTL à cette position) a été calculée. Un profil statistique est ainsi construit pour chaque caractère tout au long de chaque chromosome. La distribution du LRT a été définie selon Foulley et al. (2000). Les seuils à 5% (rouge), 1% (violet) et 1% (noir) au niveau du chromosome seront tracés sur les figures suivantes (sans correction pour les tests multiples).

Résultats et discussion

Deux QTL ne sont pas considérés différents si les pics des LRT sont distants de moins de 4 cM afin de limiter le nombre de QTL détectés dans une même région et supposés associés au même polymorphisme causal. Le tableau suivant recense le nombre de QTL de la force de cisaillement et de la note de tendreté, détectés au seuil de 1%.

Tableau 1 : Nombre de QTL de tendreté de la viande, significatifs au seuil de 1% dans les trois races.

	Charolaise	Limousine	Blonde d'Aquitaine
force de cisaillement	19	21	35
note de tendreté	21	11	22

Peu de QTL sont communs aux trois races. Toutefois, le chromosome 3 semble présenter un ou plusieurs QTL de force de cisaillement dans les trois races comme le montre la figure 1. Toutefois, on ne trouve pas de QTL de la note de tendreté sur ce chromosome bien que la corrélation génétique entre les deux caractères soit très étroite (-0,90) dans les trois races.

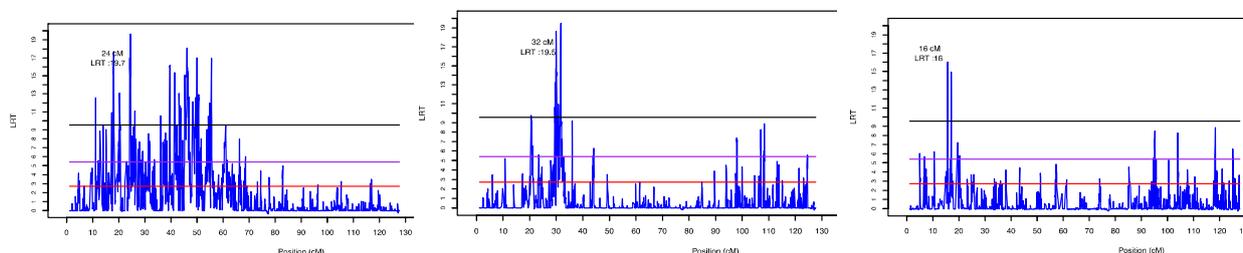


Figure 1 : QTL de la force de cisaillement sur le chromosome 3, en races Blonde d'Aquitaine, Limousine et Charolaise, de gauche à droite.

Des QTL pour les deux mesures de tendreté ont été identifiés à la position de gènes candidats préalablement étudiés par Allais et al, 2011. Ainsi, on trouve un QTL dans la région du gène de la calpastatine (CAST) en race Blonde d'Aquitaine et un QTL dans la région du gène de la calpaïne 1 (CAPN1) en race Charolaise (figures 2 et 3).

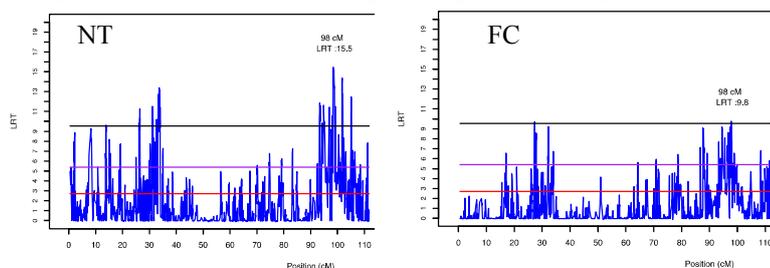


Figure 2 : QTL de la note de tendreté et de la force de cisaillement en race Blonde d'Aquitaine sur le chromosome 7 à 98 cM (gène CAST).

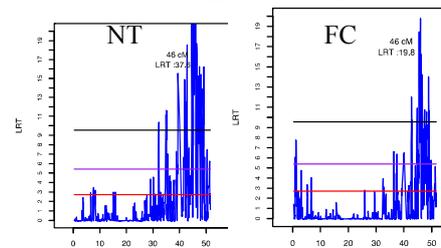


Figure 3 : QTL de la note de tendreté et de la force de cisaillement en race Charolaise sur le chromosome 29 à 45 cM (gène CAPN1).

La plupart des QTL sont spécifiques d'une race comme le QTL de la force de cisaillement du chromosome 5 en race Limousine (figure 4).

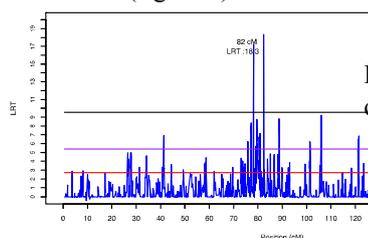


Figure 4 : QTL de la force de cisaillement sur le chromosome 5 en race Limousine.

Conclusions

La suite des travaux consistera en une analyse plus fine des QTL via l'imputation des génotypes des Jeunes Bovins sur puce 777K. Cette analyse permettra de réduire l'intervalle de confiance des QTL et d'identifier plus facilement les QTL communs aux trois races. Les QTL les plus significatifs pourront alors être analysés par séquençage afin d'identifier des polymorphismes très étroitement liés aux mutations causales susceptibles d'être intégrés dans une sélection sur marqueurs.

Le programme Qualvigène a été financé par l'ANR, Apis-Gène, l'office de l'Élevage et le FNE. Le programme Qualvigène + ABQV a été financé par Apis-Gène.

Allais S., Journaux L., Levézil H., Payet-Duprat N., Raynaud P., Hocquette J.F., Lepetit J., Rousset S., Denoyelle C., Bernard-Capel C., Renand G., 2011. *J Anim Sci*, 89 : 1-11.
 Druet T., Fritz S., Boussaha M., Guillaume F., Derbala D., Zelenika D., Lechner D., Charon C., Boichard D., Gut I.G., Eggen A., Gautier M., 2008. *Genetics*, 178(4) : 2227-2235.
 Druet T., Georges M., 2010. *Genetics*, 184(3) : 789-798.
 Foulley J.L., Jaffrésic F., Robert-Granié C., 2000. *Genet Sel Evol*, 32(2) : 129-141.
 Meuwissen T., Karlsen A., Lien S., Olsaker I., Goddard M.E., 2002. *Genetics*, 161(1) : 373-379.