

Le projet Qualvigène : mise en évidence du polymorphisme des gènes impliqués dans les qualités de la viande en races Charolaise, Limousine et Blonde d'Aquitaine

The Qualvigene project: description of the polymorphism of genes implied in meat quality in Charolais, Limousine and Blonde d'Aquitaine breeds.

N. PAYET (1), A. MALAFOSSE (2), G. RENAND (3), F. MENISSIER (3), J.F. HOCQUETTE (4), J. LEPETIT (5), S. ROUSSET (6), C. DENOYELLE (7), L. JOURNAUX (8), V. DODELIN (8), H. LEVEZIEL (1)

(1) INRA/Université de Limoges, Unité de Génétique Moléculaire Animale, 123 avenue Albert Thomas - 87000 Limoges

(2) UNCEIA, 149 rue de Bercy - 75975 Paris Cedex 12

(3) INRA, Station de Génétique Quantitative et Appliquée, Domaine de Vilvert - 78352 Jouy-en-Josas Cedex

(4) INRA, Unité de Recherches sur les Herbivores - 63122 Saint Genès Champanelle

(5) INRA, Unité Qualité des Produits Animaux - 63122 Saint Genès Champanelle

(6) INRA, Laboratoire de Nutrition Humaine, 58 rue Montalembert - 63009 Clermont Ferrand Cedex 1

(7) Institut de l'Elevage, Laboratoire d'Analyses et Technologies des Viandes, route d'Epinay - 14310 Villers Bocage

(8) Institut de l'Elevage, Service Sélection, 149 rue de Bercy - 75975 Paris Cedex 12

INTRODUCTION

Le projet QUALVIGENE, intitulé "Détection et validation de gènes impliqués dans les qualités de la viande bovine dans les 3 principales races à viande en France" et mis en place depuis 2003 par l'INRA, l'UNCEIA, l'Institut de l'Elevage et les Unités de Sélection, vise à constituer un puissant outil d'analyse du déterminisme génétique des qualités de la viande indispensable au développement de méthodes de sélection basées sur des informations moléculaires.

Il comporte deux volets. Le premier concerne la constitution d'une banque de données génétiques et phénotypiques et repose sur l'utilisation durant trois années du dispositif de contrôle sur descendance des aptitudes bouchères sur jeunes bovins en races Charolaise (33,3 %), Limousine (37,4 %) et Blonde d'Aquitaine (29,3 %). Le second volet consiste à valider la pertinence de gènes et de polymorphismes génétiques détectés dans le cadre d'autres projets en France ou à l'étranger. Il s'agit de vérifier l'intérêt réel des marqueurs dans nos conditions de production (races, systèmes de production ...) et de consommation de viande (habitudes alimentaires, cuisson ...) avant, pour ceux dont la valeur prédictive serait confirmée, d'envisager leur possible utilisation pour la sélection des reproducteurs ou la valorisation commerciale des animaux de boucherie.

Les premiers travaux réalisés ont concerné 9 gènes ainsi qu'une région chromosomique en rapport avec la variabilité de la tendreté, du persillage ou de la croissance, et les données relatives à la mise en évidence du polymorphisme sont ici présentées.

1. MATERIEL ET METHODES

Au total, 32 SNPs et 12 microsatellites ont été examinés lors de la première année. Pour chaque marqueur, un protocole de génotypage a été élaboré à partir des données de la littérature ; l'analyse du polymorphisme des SNPs a été développée selon la technologie Taqman sur un matériel dédié à la PCR quantitative (*Applied Biosystems* 7900) et celle des microsatellites par analyse de fragments sur un séquenceur automatique d'ADN (*Applied Biosystems* 310). Finalement, les informations (protocoles d'analyse, information sur les allèles et génotypes des pères) sur 19 SNPs et 12 microsatellites ont été communiquées à Labogena (Jouy-en-Josas) qui a réalisé les génotypages (139 407) de tous les taurillons abattus en 2004 et 2005 ainsi que de leurs parents. Les fréquences des allèles des SNPs et des microsatellites ont été estimées dans chacune des 3 races pour les diverses populations (2 558 taurillons, 175 pères et

1 765 mères). Lorsque plusieurs marqueurs sont situés dans le même gène, l'identification des haplotypes a été réalisée et leurs fréquences calculées.

2. RESULTATS

Pour les marqueurs considérés, la diversité génétique dans les trois races paraît assez importante. Dans le cas de certains SNPs ou microsatellites, des différences de fréquences alléliques entre races ou entre sexes existent. Un seul SNP possède trois allèles. Lorsque plusieurs SNPs sont présents dans un même gène, l'informativité du dispositif est améliorée ; par exemple, les 4 SNPs situés dans le gène codant la calpaine 1 (*CAPN1*) permettent de révéler l'existence de 7 haplotypes et les taux d'hétérozygotie dans les trois races sont alors de l'ordre de 80 % chez les pères. Le nombre d'allèles des microsatellites varie de 4 à 27 (11,4 en moyenne). Dans deux cas, pour les gènes de la calpastatine (*CAST*) et de la leptine (*LEP*), les données, respectivement à 1 et 2 microsatellites, complètent celles obtenues avec les SNPs et permettent de déterminer un nombre d'haplotypes très élevé.

3. DISCUSSION ET CONCLUSIONS

Globalement, ces premières données confirment l'existence des polymorphismes considérés dans les trois races, sauf pour un SNP du gène *CAST*, cité dans un brevet et dont un seul allèle a été observé. Ces données seront complétées par la prise en compte d'autres marqueurs génétiques et l'analyse des animaux abattus en 2006.

Lorsque toutes les données phénotypiques et génétiques seront disponibles, l'analyse des relations entre les polymorphismes et les caractéristiques phénotypiques pourra être abordée afin de confirmer ou infirmer l'intérêt réel de ces marqueurs dans nos populations. Mais il est intéressant de noter que pour les situations où des taux d'hétérozygotie élevés sont mis en évidence, ce seront plus de 80 % des familles du dispositif qui seront informatives pour apprécier l'effet des marqueurs sur les performances.

Les auteurs remercient l'ensemble des personnes qui ont contribué aux diverses phases du projet (élevage, abattage, prélèvements, analyses des phénotypes et des génotypes, gestion des données) et ont ainsi rendu sa réalisation possible. Le projet Qualvigène bénéficie de soutiens importants (réseau Genanimal, Fonds National de l'Elevage, Office de l'Elevage) et repose également pour plus de la moitié sur un autofinancement de la part des unités de sélection adhérentes à l'UNCEIA.