

Identification par transcriptomique de biomarqueurs de la qualité de la viande de porc

Bénédicte LEBRET (1, 2), Katy DENIEUL (1, 2), Annie VINCENT (1, 2), Nathalie BONHOMME (1, 2), Joanna WYSZYNSKA-KOKO (1, 2), Lars KRISTENSEN (3), Jette F. YOUNG (4), Marie DAMON (1, 2)

(1) INRA, UMR 1348 PEGASE, 35590 Saint-Gilles, France

(2) Agrocampus Ouest, UMR 1348 PEGASE, 35000 Rennes, France

(3) Danish Meat Research Institute, Maglegårdsvej 2, 4000 Roskilde, Denmark

(4) AarhusUniversity, Faculty of Agricultural Sciences, Department of Food Science, 8830 Tjele, Denmark

Benedicte.Lebret@rennes.inra.fr

Avec la collaboration de Patrick ECOLAN (1, 2), Jacques LEPETIT (†) (INRA, QuaPA, 63122 Theix), Karine METEAU (INRA EASM, Le Magneraud, 17700 Surgères), Sophie BARTHELEMY et Pierre-Yves POLLET (Filière Porc Basque, 64430 Les Aldudes)

Identification par transcriptomique de biomarqueurs de la qualité de la viande de porc

Le déterminisme des composantes sensorielle et technologique de la qualité de la viande de porc est complexe. De nombreux facteurs influençant la qualité ont été identifiés ; toutefois celle-ci présente encore une variabilité élevée et est difficile à prédire. Afin de mieux comprendre la construction biologique de la qualité de la viande et d'en identifier des biomarqueurs, nous avons étudié les associations entre le transcriptome musculaire et des caractères technologiques et sensoriels (pH, perte en eau, couleur, lipides intramusculaires, force de cisaillement, tendreté) dans un dispositif expérimental incluant des porcs de races contrastées (Basque et Large White, n=50) issus de différents systèmes d'élevage, conduisant à une variabilité élevée de qualité. De nombreuses corrélations entre l'expression de gènes et plusieurs caractères de qualité ont été obtenues par analyse transcriptomique. L'expression de 40 de ces gènes quantifiée par RT-PCR a permis de confirmer 113 associations transcrit-caractère de qualité ($P < 0,05$, $|r| \leq 0,73$), parmi lesquelles 60 ont ensuite été validées ($P < 0,05$, $|r| \leq 0,68$) sur des données indépendantes (n=50) du même dispositif. Puis, sur des animaux commerciaux d'origine différente (n=100), 19 associations ont été validées ($P < 0,05$, $|r| \leq 0,49$) pour différents caractères : pH (6), pertes en eau (4), L^* (5), h^* (2), lipides intramusculaires (1) et tendreté (1). Enfin, des modèles de régression multiple incluant 3 à 5 gènes permettent d'expliquer jusqu'à 59% de la variabilité d'un caractère. Des biomarqueurs de la qualité de la viande de porc ont donc été identifiés et validés. Toutefois, leur valeur prédictive devra être améliorée afin de développer des outils d'évaluation précoce post-mortem de la qualité.

Identification by transcriptomics of biomarkers of pork quality

The development of technological and sensory pork quality traits is a complex phenomenon. Many factors influencing pork quality have been identified so far, but pork quality is still highly variable and difficult to predict. In order to better understand the development of pork quality and identify molecular markers, associations between muscle transcriptome and technological and sensory traits (pH, drip loss, colour, intramuscular fat, shear force, tenderness) were established in an experimental design. This included pigs from contrasted breeds (Basque and Large White, n=50) produced in different systems, which led to great variability in quality. Many correlations between gene expression and meat quality traits were identified by transcriptomic analysis. Using RT-PCR for the quantification of expression of 40 of these genes, 113 transcript-trait associations were confirmed ($P < 0.05$, $|r| \leq 0.73$), of which 60 were validated ($P < 0.05$, $|r| \leq 0.68$) on independent data (n=50) from the same experiment. Then, using pigs from a different origin produced in a commercial pork chain (n=100), 19 of these transcript-trait associations were validated ($P < 0.05$, $|r| \leq 0.49$) for various pork quality traits: pH (6), drip loss (4), L^* (5), h^* (2), intramuscular fat (1) and tenderness (1). Multiple regression models including 3 to 5 genes explain up to 59% of the variability of a quality trait. Biomarkers of pork quality have thus been identified and validated. However their predictive value remains to be improved for the further development of early post-mortem tools to assess pork quality.