

Expression génique du tissu adipeux chez le Krškopolje porc : comparaison entre l'élevage en plein air et l'élevage en bâtiment

Klavdija POKLUKAR, Marjeta ČANDEK-POTOKAR, Martin ŠKRLEP

Agricultural Institute of Slovenia, Hacquetova ulica 17, SI-1000 Ljubljana, Slovénie

meta.candek-potokar@kis.si

Cette étude a bénéficié d'un financement du programme H2020 (GEroNIMO, 101000236) ainsi que de l'Agence slovène de la recherche et de l'innovation (Z4-60178, J4-3094, P4-0133). La recherche a été réalisée en utilisant l'infrastructure de recherche ELIXIR-SI.

Gene expression of adipose tissue in the Krškopolje pig - comparing outdoor and indoor rearing

The Krškopolje pig is an autochthonous Slovenian breed that is reared in diverse production systems, ranging from extensive outdoor to intensive indoor conditions. Previous research has shown that the rearing environment can significantly influence animal performance, including the dynamics of fat deposition. Therefore, the main objective of this study was to compare the expression of selected target genes in pigs kept either in an organic outdoor system (BIO, n=24) or in a conventional indoor system (CONV, n=24). The animals from both systems were slaughtered at 330 days of age, and backfat samples were taken for RNA extraction. Based on the RNAseq results (not shown here), expression of specific genes was quantified using targeted gene expression analysis which quantified 43 target genes and 5 housekeeping genes. Compared to pigs CONV, pigs BIO showed upregulation of genes involved in synthesis, desaturation and elongation of fatty acids (FASN, ME1, SCD, ELOVL6, G6PD, MOGAT2; 1.3 to 2.0-fold change; $P < 0.05$), fatty acid transport (FABP7; 2.0-fold change; $P < 0.01$) and innate immune system (MSR1, CSF3R, TREM2; 1.6 to 2.0-fold change; $P < 0.01$). Significantly downregulated genes in the BIO pigs were those associated with lipolysis (-1.5-fold change for LIPE and; -1.3-fold change for PNPLA2; $P < 0.001$), adipogenesis (-1.3 fold change for PPARG, CEBPA; $P < 0.001$) and heat shock protein (-2.1-fold change for HSP70.2; $P < 0.001$). These results are important to improve understanding of the adaptability of this local breed to different rearing conditions.

INTRODUCTION

Les races locales de porcs sont élevées dans des systèmes de production diversifiés, et leurs performances reflètent l'hétérogénéité de ces systèmes (Čandek-Potokar *et al.*, 2019). En Slovénie, la race autochtone appelée le Krškopolje porc, en est le parfait exemple. Cette race est bien adaptée aux ressources alimentaires et aux conditions environnementales locales. L'effet du système d'élevage a souvent été étudié chez les porcs autochtones (par ex. Lebrecht *et al.*, 2014 ; Tomažin *et al.*, 2019 ; Škrlep *et al.*, 2025). Cependant, l'identification des mécanismes génétiques responsables des différences dans le développement du tissu adipeux reste encore limitée. Une meilleure compréhension de la régulation génétique de ce développement serait utile pour mieux comprendre les relations génotype-phénotype ainsi que l'effet de conditions environnementales qui peuvent entraîner une variabilité dans l'expression des gènes. L'objectif de cette étude était d'identifier les différences d'expression des gènes candidats dans le tissu adipeux sous-cutané de porcs Krškopolje élevés en système biologique en plein air par rapport à un système conventionnel.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Animaux

Deux essais ont été réalisés avec des porcs Krškopolje, l'un dans un système de production conventionnel en bâtiment (CONV, n=24) et l'autre dans un système de production biologique en plein air (BIO, n=24). Cet essai (BIO) a été réalisée en hiver. Les porcs BIO ont été engraisés dans une aire extérieure clôturée avec des abris en bois, tandis que, les porcs CONV étaient à l'intérieur dans des loges sur caillebotis partiel. Dans les deux cas, les périodes d'élevage étaient identiques, le régime alimentaire équilibré et à volonté, la composition de ration étant décrite dans Škrlep *et al.* (2025). Les porcs ont été abattus à un âge moyen de 330 ± 13 jours, avec un poids vif moyen de 166,7 kg (BIO) et de 183,2 kg (CONV). L'adiposité (épaisseur moyenne de gras) des porcs BIO et CONV était de 52 mm et de 44 mm, respectivement. Les échantillons de tissu adipeux sous-cutané (niveau de la dernière côte), ont été prélevé après éviscération, puis congelé dans de l'azote liquide et conservé à -80°C avant extraction de l'ARN.

1.2. Extraction de l'ARN et expression génique

L'ARN a été extrait à l'aide du kit RNeasy Lipid Tissue Mini Kit (Qiagen GmbH, Hilden, Allemagne). Un total de 48 gènes cibles, dont 5 de référence, ont été sélectionnés, soit en consultant la littérature, soit en se basant sur les gènes différentiellement exprimés par analyse RNA-seq (résultats non présentés). L'expression de ces gènes a été mesurée à l'aide du système