

Mise en équation de la tendreté de la viande bovine à partir de validations de marqueurs potentiels Determining an equation for beef tenderness from the validation of potential markers

GUILLEMIN N., JURIE C., RENAND G. (1), HOCQUETTE J-F., LEPETIT J. (2), LEVEZIEL H. (3), PICARD B. UR1213, Recherches sur les Herbivores*

(1) UR337, Station de génétique quantitative et appliquée, INRA, 78352 Jouy-en-Josas ,

(2) UR 370 Qualité des produits animaux, INRA, Theix, 63122 Saint-Genès-Champanelle,

(3) UMR1061, Unité de génétique moléculaire animale, INRA - Université de Limoges, Faculté des Sciences et Techniques, 87060 Limoges Cedex

INTRODUCTION

La tendreté de la viande bovine est un caractère complexe et multifactoriel, source d'insatisfaction des consommateurs. Afin de répondre à une demande de la filière viande bovine, divers programmes de génomique fonctionnelle (transcriptomique et protéomique) ont identifié des marqueurs potentiels de la tendreté (Hocquette *et al.*, 2007). L'objectif de cette étude était de valider une liste de 22 marqueurs biologiques potentiels. Pour ce faire, leur expression a été quantifiée au niveau protéique dans le muscle *Longissimus Thoracis* (LT) de taurillons Charolais, par une technique immunologique, le Dot-Blot (Guillemin *et al.*, 2009). L'analyse de ces « nouvelles » données phénotypiques doit permettre d'identifier les protéines les plus explicatives de la tendreté, par une analyse de régression linéaire multiple pas-à-pas. Une équation prédictive de la tendreté, fonction du phénotypage des protéines retenues, sera mise au point et servira de base pour le développement de tests de prédiction biologiques de la tendreté.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. ECHANTILLONS

L'étude a été conduite sur 28 taurillons de race Charolaise du programme expérimental MUGENE (ANR / GENANIMAL). Les animaux ont été abattus en respectant les conditions d'éthique et de bien-être animal. Les échantillons des muscles LT ont été prélevés puis immédiatement congelés dans l'azote liquide et conservés à -80°C en vue d'une extraction protéique effectuée selon le protocole de Bouley *et al.* (2004). La tendreté de ces muscles a été évaluée après 21 jours de maturation par mesures mécaniques selon le test de Warner-Braztler (WB) et par un jury de dégustation (TS).

1.2. PHENOTYPAGE PAR DOT-BLOT

Les analyses quantitatives de 22 protéines ont été effectuées d'après le protocole de Guillemin *et al.* (2009) à l'aide d'anticorps spécifiques de chacune des protéines.

1.3. ANALYSES STATISTIQUES

Les données ont été analysées par régression multiple pas-à-pas à l'aide de SAS (option FORWARD).

2. RESULTATS

Sur quatre animaux extrêmes, des approches protéomiques avaient mis en évidence une relation significative entre 22 protéines et les estimations mécaniques et sensorielles de la tendreté. Ces protéines ont été analysées sur l'ensemble des 28 taurillons. Dans ce cadre la relation avec la tendreté est loin d'être aussi claire, l'établissement de relation linéaire simple entre une protéine et une note de tendreté s'avérant peu fiable compte tenu de la variabilité phénotypique des 28 taurillons (données non illustrées dans ce résumé).

Toutefois, l'analyse par régression multiple a permis de montrer qu'au moins trois de ces protéines sont explicatives de la tendreté estimée par les deux approches mécaniques et sensorielle (figure 1). Elles correspondent à des protéines contractiles : chaîne lourde de myosine rapide (MyHC-II) ; du métabolisme : la *Malate deshydrogénase* I (MDH1) et de structure : CapZ-β (tableau 1).

Figure 1 : corrélation entre la tendreté prédite par le modèle (ordonnée) et la tendreté mesurée dans les échantillons (abscisse), en TS (A) et WB (B).

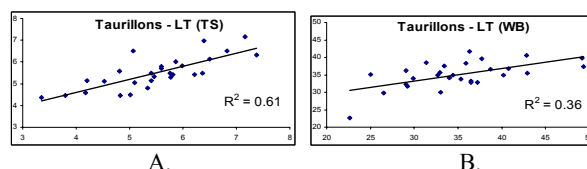


Tableau 1 : protéines explicatives de la tendreté ($P < 0,05$) retenues par une analyse de régression multiple pas-à-pas pour expliquer la note de tendreté (WB ou TS) et le % de variabilité expliquée par chaque protéine.

LT - WB	LT - TS
CapZ-β (24 %)	CapZ-β (33 %)
MyHC-II (12 %)	MDH1 (20 %)
	MyHC-II (7 %)

CONCLUSION

La relation d'une protéine avec la tendreté mise en évidence sur de faibles effectifs n'est pas systématiquement validée sur des effectifs plus larges. Les analyses ont montré que les protéines significativement explicatives de la tendreté diffèrent selon les contextes, ce qui nous amène à envisager le développement d'une équation prédictive par jeu de données homogènes (en fonction du type d'animal, du système de production et du muscle). Des analyses statistiques plus fines seront effectuées afin de préciser les équations. De plus, des phénotypages portant sur les protéines sélectionnées comme marqueurs biologiques seront effectués sur d'autres séries d'échantillons (muscles, type d'animaux, races) afin de valider les équations développées jusqu'à présent, voire de les adapter selon le contexte étudié.

Cette étude est financée par l'ANR et APIS-GENE dans le cadre du programme MUGENE (GENANIMAL).

Les auteurs remercient Christiane Barboiron, Bruno Meunier, l'UE de Bourges et l'abattoir de Theix.

Bouley, J. *et al.*, 2004. *Proteomics*, 4: 87-89

Guillemin, N. *et al.*, 2009. *J Physiol and Pharmacol*, 60, Suppl 2

Hocquette, J-F. *et al.*, 2007. *Renc Rech Ruminants*, 14, 117-120