

**Titre du projet** (*maximum 2 lignes*) : Acronyme : **QUALVIGENE.**  
**DÉTECTION ET VALIDATION DE GÈNES IMPLIQUÉS DANS LES QUALITÉS DE LA VIANDE BOVINE DES TROIS PRINCIPALES RACES À VIANDE EN FRANCE.**

**Résumé du projet**

Pour regagner des parts de marché, les éleveurs de races à viande sont particulièrement concernés par la possibilité de segmenter le marché en fonction de la qualité réclamée par les consommateurs. Or les cahiers des charges définis pour y parvenir ne font pas référence au potentiel génétique de l'animal à fournir une viande de qualité car les méthodes classiques de sélection ne sont pas applicables aux qualités de viande faute de mesures disponibles pour évaluer les animaux. La disposition de marqueurs moléculaires des gènes impliqués dans la variabilité génétique des qualités de la viande représente un atout déterminant pour la filière en permettant d'orienter les bovins porteurs des allèles favorables vers des segments du marché où la qualité est valorisée. Les organismes de sélection pourraient intégrer cette information moléculaire afin d'améliorer les qualités de la viande conjointement aux caractères de production actuellement sélectionnés.

L'objet du projet est de se donner les moyens de valider dans les trois principales races à viande françaises, *Charolaise*, *Limousine* et *Blonde d'Aquitaine*, tout gène suspecté de présenter un polymorphisme impliqué dans la variabilité génétique des qualités de la viande dans les conditions de production et de consommation en France. Pour ceci, il est prévu de procéder à une "veille scientifique" des résultats publiés ou brevetés de par le monde pour retenir les gènes potentiellement intéressants ; de rechercher de nouveaux polymorphismes au sein de ces gènes ; de constituer des familles de demis frères paternels à partir du contrôle sur descendance des taureaux d'insémination ; de stocker l'ADN des pères et des descendants, et si possible des mères ; de contrôler les aptitudes bouchères et de mesurer les qualités de la viande de ces descendants ; de génotyper les familles informatives pour les gènes retenus ; de procéder à une estimation intra race des effets de substitution des allèles favorables sur les mesures phénotypiques intra famille paternelle.

Dans un premier temps, les cinq gènes découverts jusqu'à présent en Australie, au Canada et aux Etats Unis comme présentant un polymorphisme en relation avec la tendreté (CAPN1, CAST, LOX), le persillage (TG) ou l'adiposité des carcasses (LEP) seront spécifiquement étudiés dans le cadre du présent projet afin de valider ou non leur intérêt pour la production d'une viande de qualité dans le contexte français.

Les qualités sensorielles de la viande seront mesurées sur le muscle *longissimus thoracis* par des jurys de dégustation (tendreté, flaveur) ou par des mesures instrumentales (force de cisaillement pour la tendreté, chromatographie pour la couleur). Les principales caractéristiques musculaires impliquées dans ces qualités sensorielles seront mesurées : lipides intramusculaires pour la flaveur, taille des fibres musculaires, collagène (teneur et solubilité) et activité de la calpastatine pour la tendreté. Les qualités des carcasses seront mesurées (composition avec la dissection de la 6<sup>ème</sup> côte, conformation par pointage et mesures sur la carcasse ou le muscle *longissimus thoracis*), de même que les performances de croissance et d'abattage.

Le matériel animal sera constitué de taurillons engraisés en station et abattus contractuellement en abattoirs sous la supervision des ingénieurs chargés de l'encadrement des programmes de sélection afin d'assurer la représentativité et la fiabilité des informations recueillies.

Le dispositif est dimensionné afin de pouvoir valider des effets de substitution d'environ 0,60 à 0,67 écart type phénotypique. Le projet se déroulera sur trois campagnes pour obtenir 56, 39 et 36 descendance respectivement en races *Charolaise*, *Limousine* et *Blonde d'Aquitaine*, avec 1344, 1170 et 972 taurillons abattus et contrôlés respectivement.

La base de données et la banque d'ADN constituées au cours du présent projet constituent un investissement incontournable pour valider tout gène qui sera publié ou breveté dans le futur, en particulier les gènes qui seront trouvés dans le projet européen "GemQual" et le projet INRA "Mugène" mené à partir du troupeau expérimental "INRA - Vachotron".

**Champ thématique** (*selon la classification de l'Appel à Projets*) : **PHYSIO-PATHOLOGIE**

**Projet :** finalisé

**Responsable scientifique** (*nom prénom*) : **RENAND Gilles**

**Fonction et organisme** (*intitulé, sigle, Adresse*) : Directeur de Recherches,

**Station de Génétique Quantitative et Appliquée (SGQA), Département de Génétique animale,  
INRA Centre de Recherche de Jouy, 78352 Jouy-en-Josas Cedex.**

*Tél.* : 01 34 65 22 12

*Fax* : 01 34 65 22 10

*Mel*: renand@dga.jouy.inra.fr

*Si le chef de projet n'est pas le responsable scientifique, compléter également la rubrique suivante*

**Chef de projet** (*nom prénom*) **MALAFOSSE Alain**

**Entreprise** (*intitulé, sigle, Adresse*)

**Union Nationale des Coopératives agricoles d'Elevage et d'Insémination Animale (UNCEIA),  
Département de Génétique animale, 149 rue de Bercy, 75595 Paris Cedex 12.**

*Tél.* : 01 40 04 53 89

*Fax* : 01 40 04 53 79

*Mel*: alain.malafosse@unceia.fr

**Liste des partenaires publics :**

<b>Nom des laboratoires (intitulé, sigle, nom du Directeur, nom du responsable)</b>	<b>Affiliations : EPST, Université...</b>	<b>Ville</b>
<b>Station de Génétique Quantitative et Appliquée (INRA-SGQA), BIDANEL Jean Pierre, RENAND Gilles</b>	<b>INRA</b>	<b>Jouy-en-Josas</b>
<b>Unité Mixte de Génétique Moléculaire Animale (UGMA), JULIEN Raymond, LEVEZIEL Hubert</b>	<b>Université de Limoges /INRA</b>	<b>Limoges</b>
<b>Station de Recherches sur la Viande (INRA-SRV), CULIOLI Joseph, TAYLOR Richard</b>	<b>INRA</b>	<b>Clermont-Ferrand (Theix)</b>
<b>Unité de Recherches sur les Ruminants (INRA-URH), COULON Jean Baptiste, HOCQUETTE Jean-François</b>	<b>INRA</b>	<b>Clermont-Ferrand (Theix)</b>

**Liste des partenaires privés :**

<b>Nom des Entreprises, nom du responsable</b>	<b>Ville</b>
<b>UNCEIA, MALAFOSSE Alain</b>	<b>Paris (FR)</b>
<b>Institut de l'Élevage, Département de Technique d'élevage et Qualité, Service Viande(IE-SV), DENOYELLE Christophe</b>	<b>Villers-Bocage (14)</b>
<b>Institut de l'Élevage, Département Génétique, Service sélection (IE-SS), JOURNAUX Laurent</b>	<b>Paris (75)</b>
<b>UCATRC, LACROIX Maurice</b>	<b>Lempdes (63)</b>
<b>UCEF, VILLEMAGNE Michel</b>	<b>Montrond-les-Bains (42)</b>
<b>UALC, GIRAUD Bernard</b>	<b>Naves (19)</b>
<b>Midatest, BIAU Jacques</b>	<b>Soual (81)</b>

**Durée du projet : 36 mois**