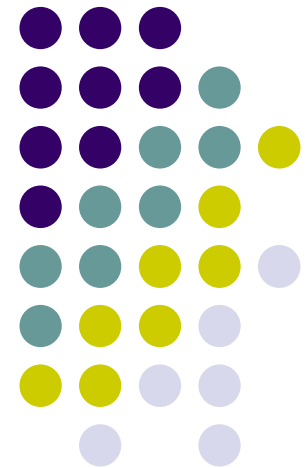


QUALVIVOL

QUALité des Vlandes de VOLailles

Cécile Berri

INRA, Unité de Recherches Avicoles



Collaboration : E. le Bihan-Duval, V. Sibut



Approche intégrative de génomique fonctionnelle et positionnelle pour l'identification des gènes régulant la qualité des viandes

Porteur : ITAVI

Laboratoires associés :

- Unité de Recherches Avicoles, INRA-Nouzilly
- Laboratoire de Génétique Cellulaire, INRA-Toulouse
- Unité Qualité des Produits Animaux, INRA-Theix

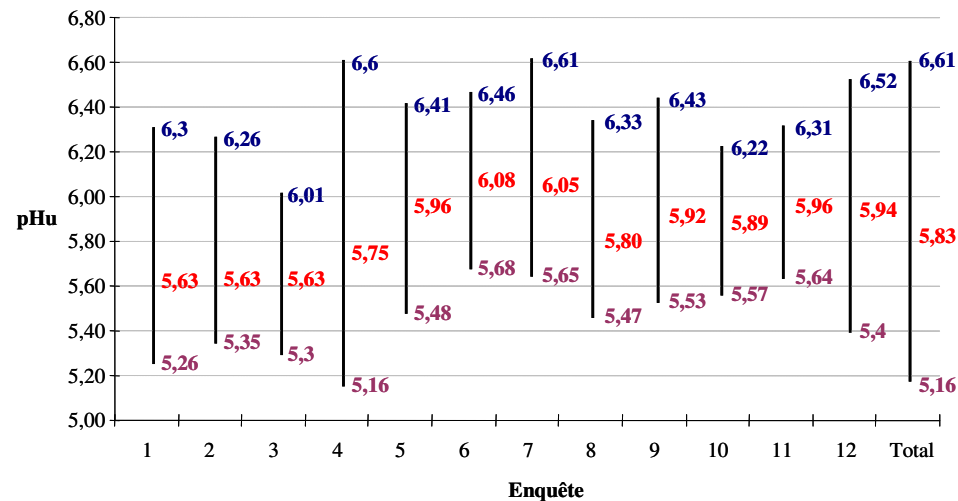
Partenaire :

- Sélectionneur Hubbard

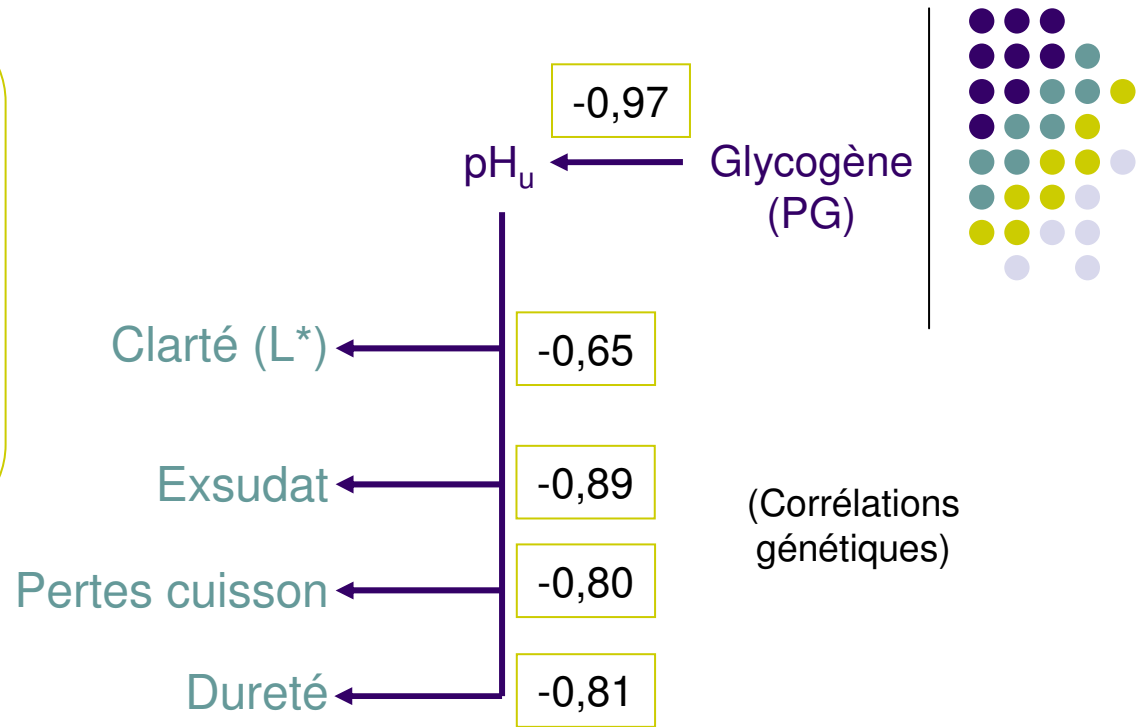
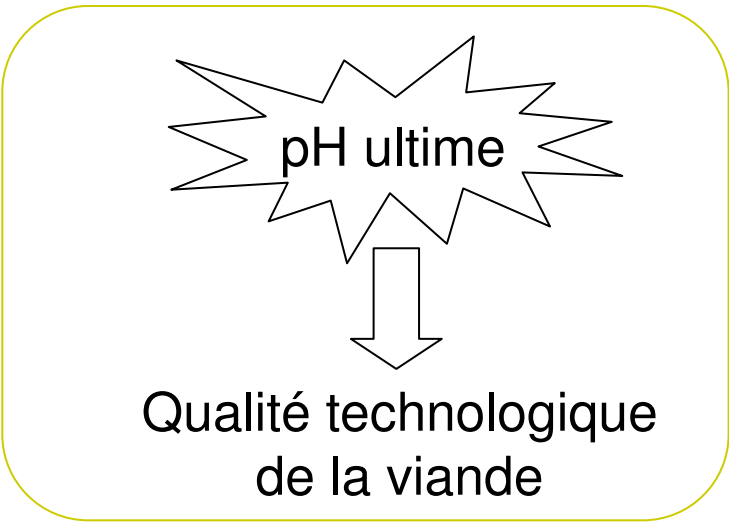
Contexte



- Une modification qualitative de la consommation
 - Diminution des achats des ménages sur les volailles entières
 - Forte croissance des produits élaborés et découpés (~7%/an)
- Une grande variabilité des caractéristiques de qualité en conditions industrielles (Gigaud et al., 2007)



- Nécessité d'adapter la production aux nouveaux modes de consommation
- Forte demande de la profession pour homogénéiser et améliorer la qualité



Caractères héritables et modulables par des facteurs d'élevage... mais des gènes et des mécanismes encore inconnus!

	h ²
Potentiel glycolytique	0.43
pHu	0.34
L*	0.35
Drip loss	0.26

Berri et al, J Anim Sc, 2007
 Le Bihan-Duval et al, BMC Genet, 2008

Stratégie générale



Transcriptome



Gènes différentiels/
voies métaboliques

Recherche de QTL



Régions Chromosomiques/
Mutations causales

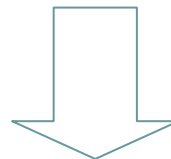


+

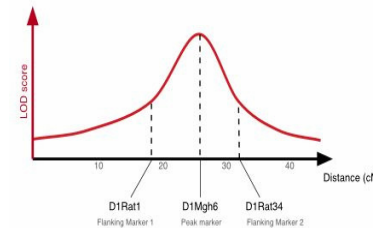
Approche
ciblée



Gènes candidats



Marqueurs moléculaires utilisables en sélection
Marqueurs physiologiques des conditions d'élevage

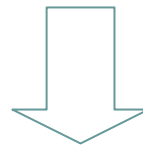


Approches fonctionnelles



Muscle *Pectoralis major*
différant pour le PG, le
pHu et la qualité

- 1 Lignées Maigre et Grasse
- 2 Descendants F2 (Maigre X Gras)
- 3 Lignée commerciale lourde

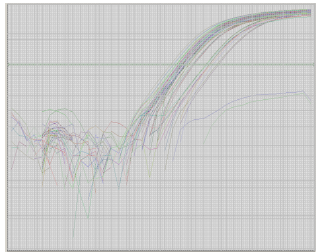


Composition corporelle
Caractéristiques musculaires (PG)
Qualité de viande

Gènes candidats

Approche
ciblée

Etudes
expressionnelle
et d'activité

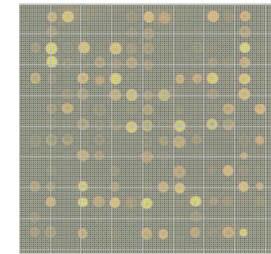


Sibut et al, J Anim Sci, 2008



Approche
globale

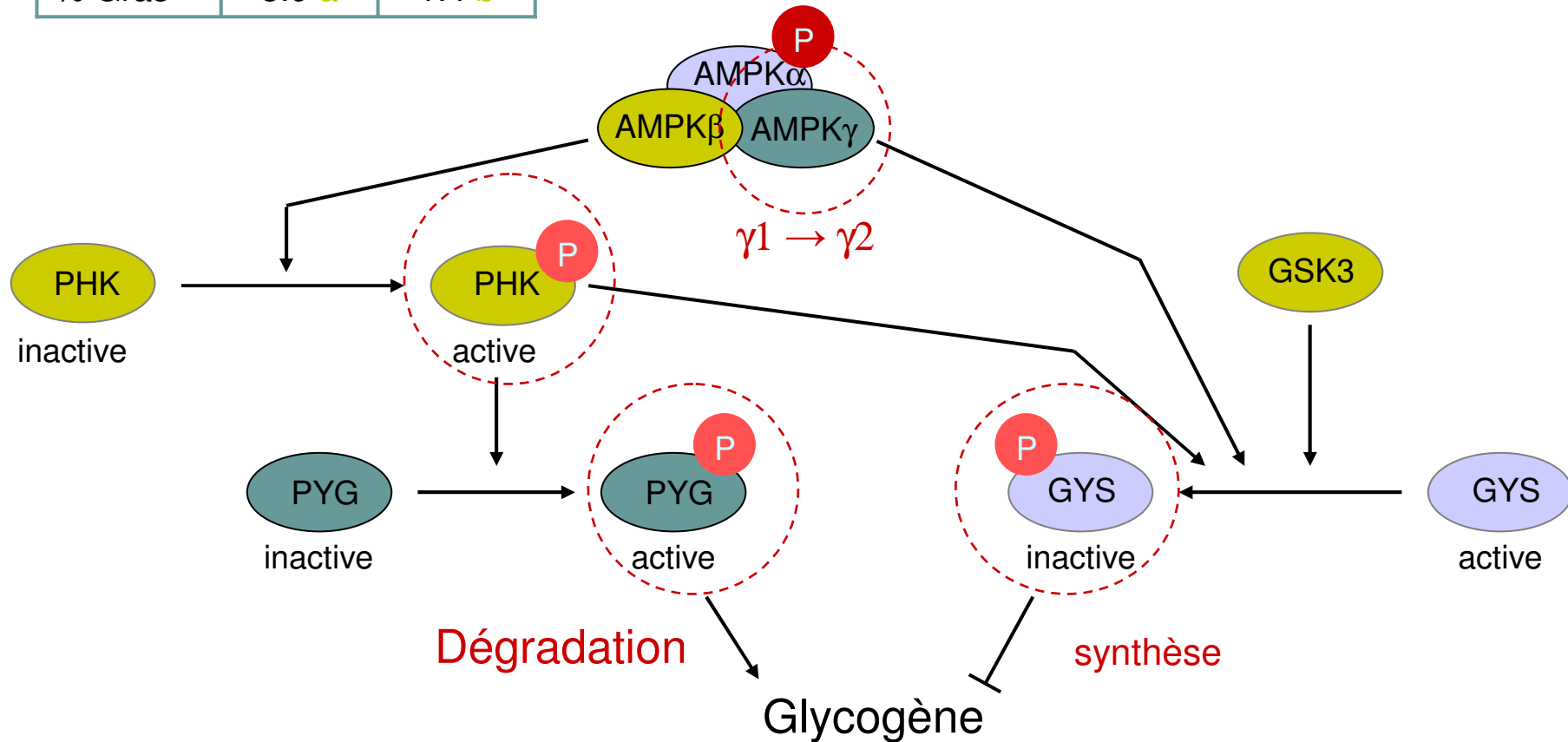
Etude du
transcriptome



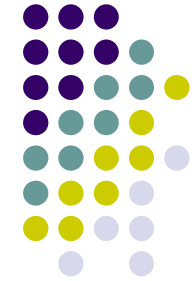
n=8	Gras	Maigre
pHu	5.66 b	5.79 a
PG (μM)	112 a	94 b
Exsudat	1.4 a	1.1 b
L*	47.4 a	44.8 b
% Filet	11.5 a	12.8 b
% Gras	3.9 a	1.4 b

Études d'expression de gènes

Signalisation par phosphorylation



Modèles d'études



1

Lignées Maigre et Grasse

n=8	PG+	PG-
pHu	5.66 b	5.84 a
PG (μM)	122 a	91 b
Exsudat	1.7 a	1.0 b
L*	49.7 a	44.1 b
% Filet	12.41 a	13.42 b
% Gras	5.17 a	2.65 b

2

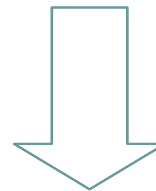
Croisement F2 M x G

n=8	PG+	PG-
pHu	5.55 b	5.88 a
PG (μM)	126 a	78 b
Exsudat	1.2	1.1
L*	50.6 a	48.3 b
% Filet	12.0	12.1
% Gras	3.75 a	2.87 b

3

Souche commerciale lourde

n=10	PG+	PG-
pHu	5.45 b	5.91 a
PG (μM)	147 a	80 b
Exsudat	2.6 a	0.9 b
L*	57.8 a	51.5 b
% Filet	17.84	17.51
% Gras	2.68	2.90



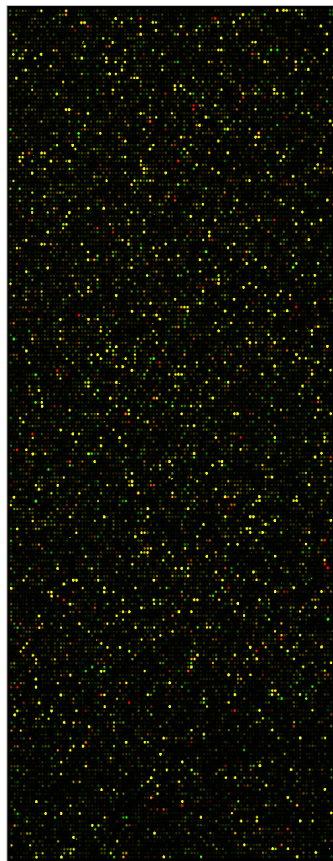
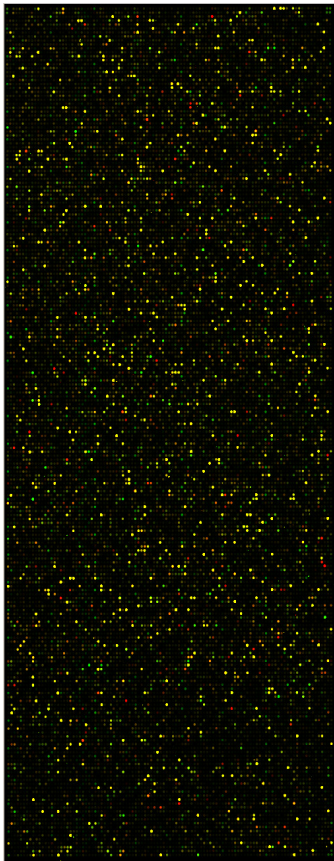
Etude des positions des associations entre les marqueurs génétiques et les caractères potentiels (Modèles 2.-) et 3

Analyses du transcriptome



PG+ vs PG-

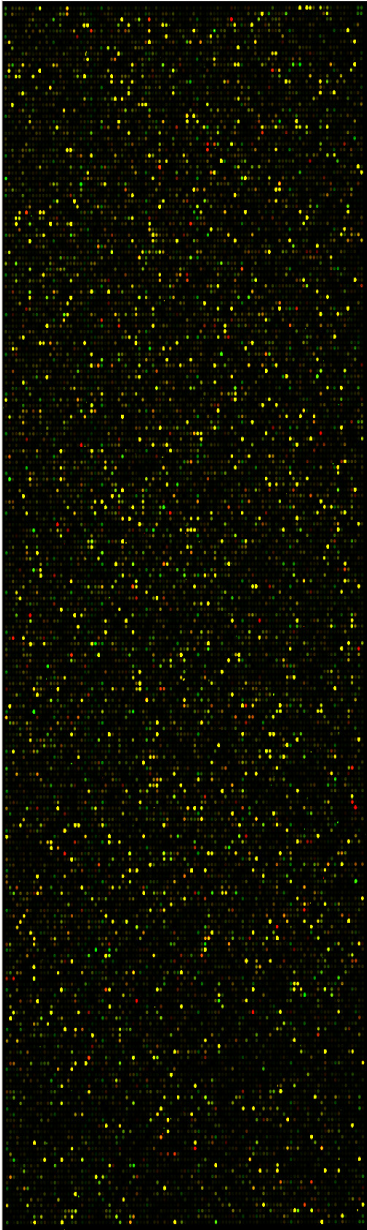
PG- vs PG+



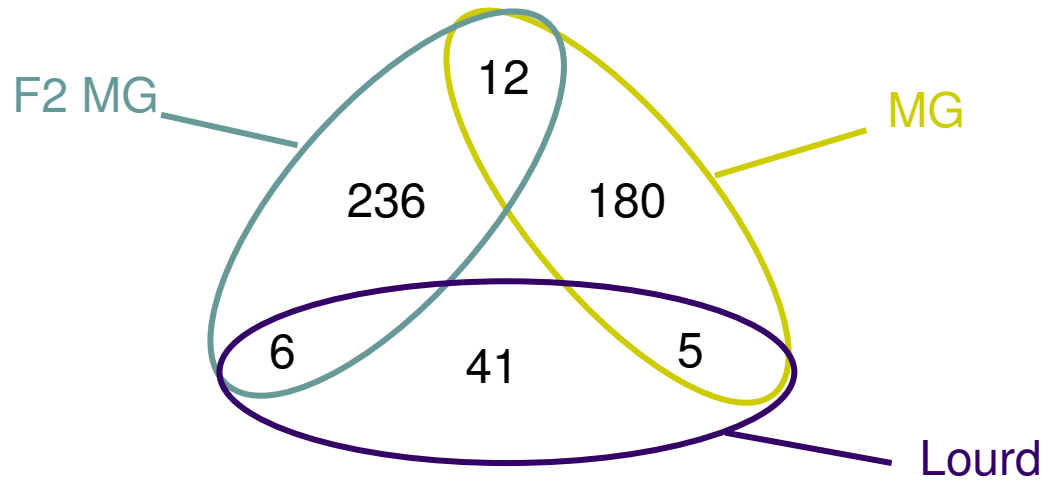
- n = 8 ou 10 lames
- Dye-switch
- Oligonucléotides longs ARK Genomics (CRB-GADIE)
- Composées de 22000 dépôts uniques
- Hybridation dynamique SlideBooster / AdvaWash (Olympus Advalytix)

- Normalisation
- Analyse différentielle sous Anapuce 2.0
- Recherche d'orthologues humains pour l'annotation *via* Ingenuity Pathways Analysis®

Gènes différentiels

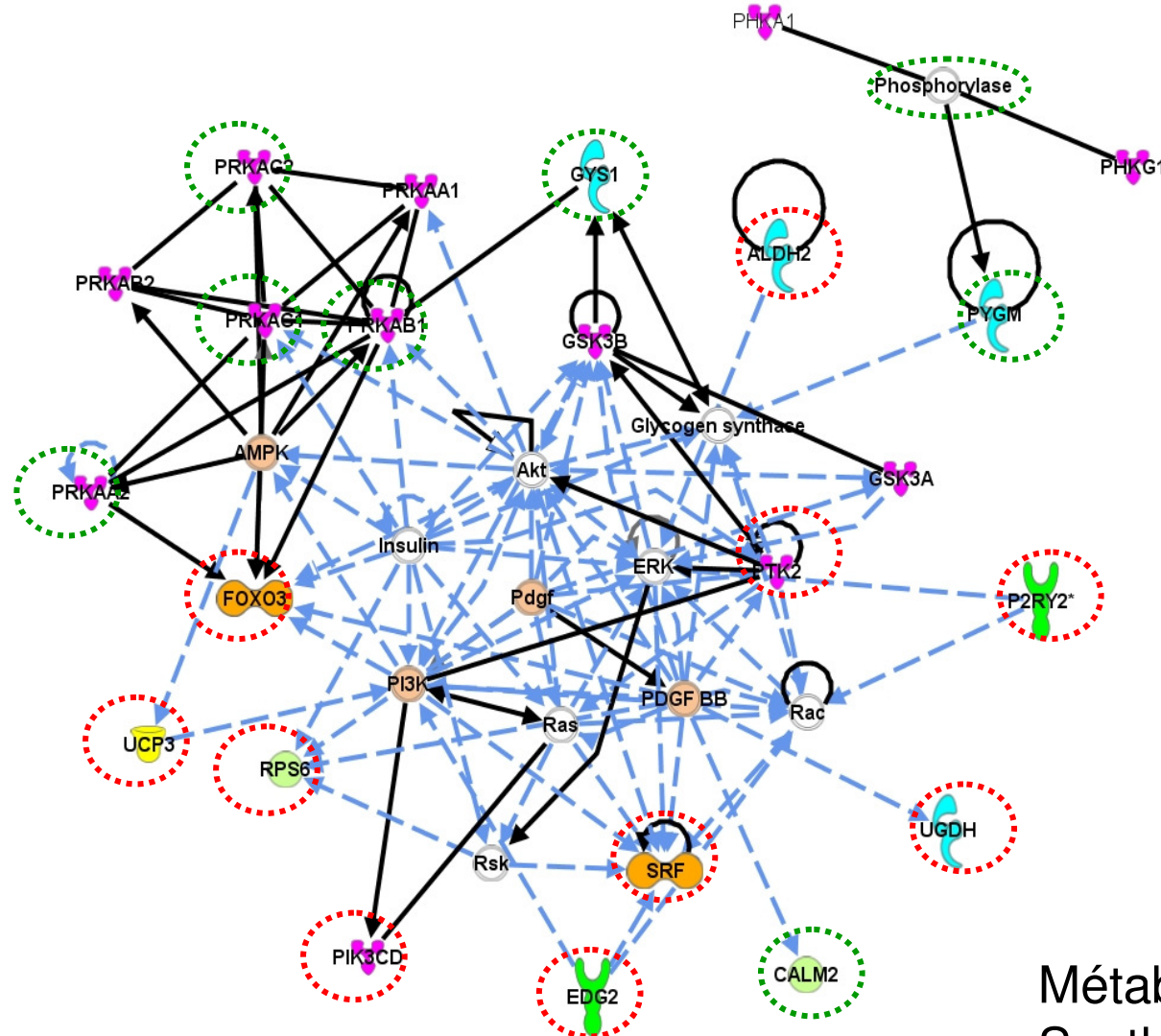
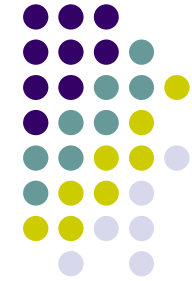


1	2	3
MG	F2 MG	Lourd
↓	↓	↓
197 gènes	254 gènes	52 gènes
0.41 <PG+/PG-< 2.69	0.48 <PG+/PG-< 2.23	0.26 <PG+/PG-< 1.91
86% annotés	78% annotés	82% annotés



Réseaux de gènes identifiés

List_genes_validate_Network 1_Color

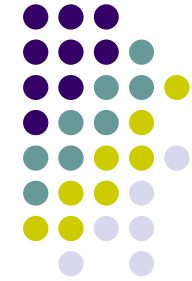


○ Approche ciblée
○ Approche globale

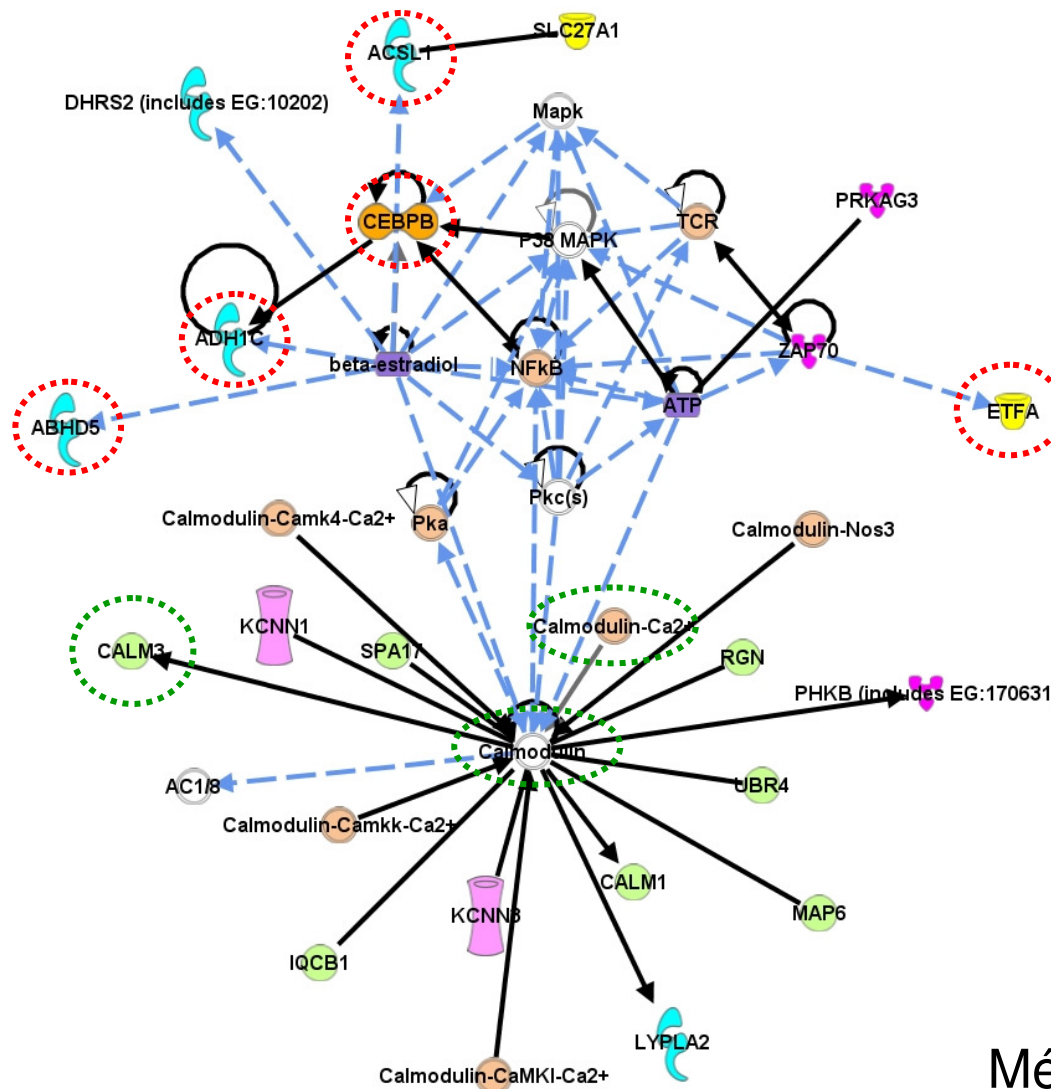
Legend	
	Complex
	Enzyme
	G-protein Coupled Receptor
	Group
	Kinase
	Transcription Regulator
	Transporter
	Unknown
	Relation
	Relation

Métabolisme des glucides
Synthèse protéique

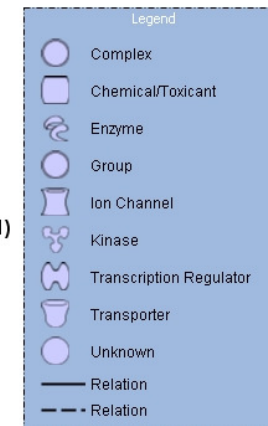
Réseaux de gènes identifiés



List_genes_validate_Network 2_Color



○ Approche ciblée
 ○ Approche globale

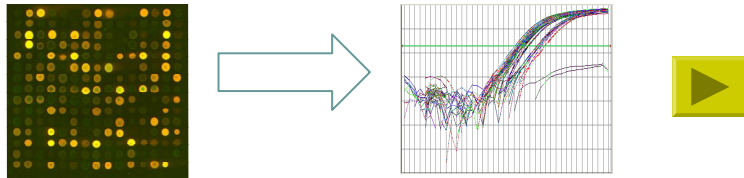


Métabolisme des lipides

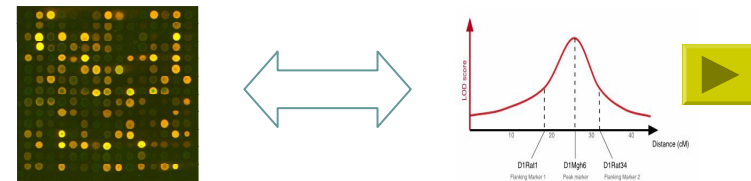
Validation et croisement des données positionnelles et fonctionnelles



Validation de gènes candidats fonctionnels par PCR quantitative



Mise en relation des candidats fonctionnels avec les régions QTL identifiées



Gènes candidats

Validation des associations avec la qualité (e-QTL, polymorphisme)

Validation de leur rôle dans d'autres populations, notamment commerciales

Identification des mutations utilisables en sélection
Étude de la régulation des gènes par des facteurs d'élevage

qRTPCR



1
MG
PG+ = 122 μ M
PG- = 91 μ M

2
F2MG
PG+ = 126 μ M
PG- = 78 μ M

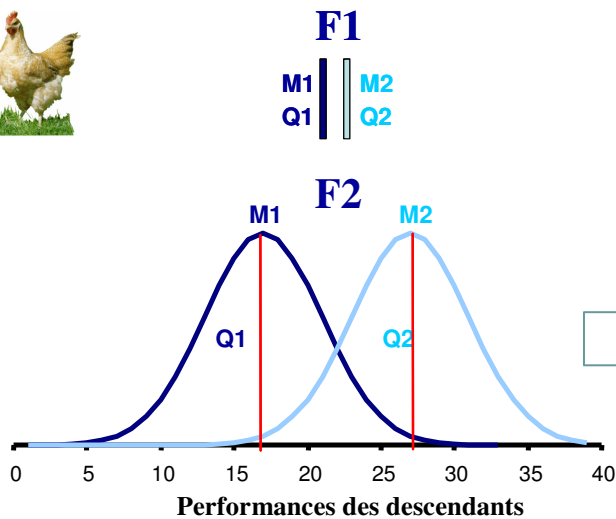
3
Lourde
PG+ = 147 μ M
PG- = 80 μ M



UGPase, AMPDH, ABHD5, BPIA, PDK3, PTK2,
 GSK3 et GYS1
 RGS2, EDG2, ACSL1, CEBPB, FOXO3,
 PYGL et PHK α , β , δ , γ
 UCP3, PPP1R12B, SRF, ETFA, ADH1C,
 FGFR2, RPS6, PIK3CD, RPIA, P2RY2
 ...

Transcriptome
 (différentiels les plus
 forts, fonction,
 communs)

Recherche de QTL (F2 MxG)



LABOGENA
INRA-LGC

Développement de
marqueurs
microsatellites

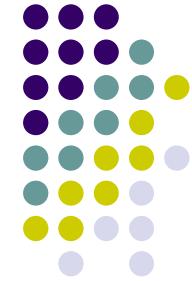
127 marqueurs
disponibles sur 22
groupes de liaison

INRA
URA/QUAPA

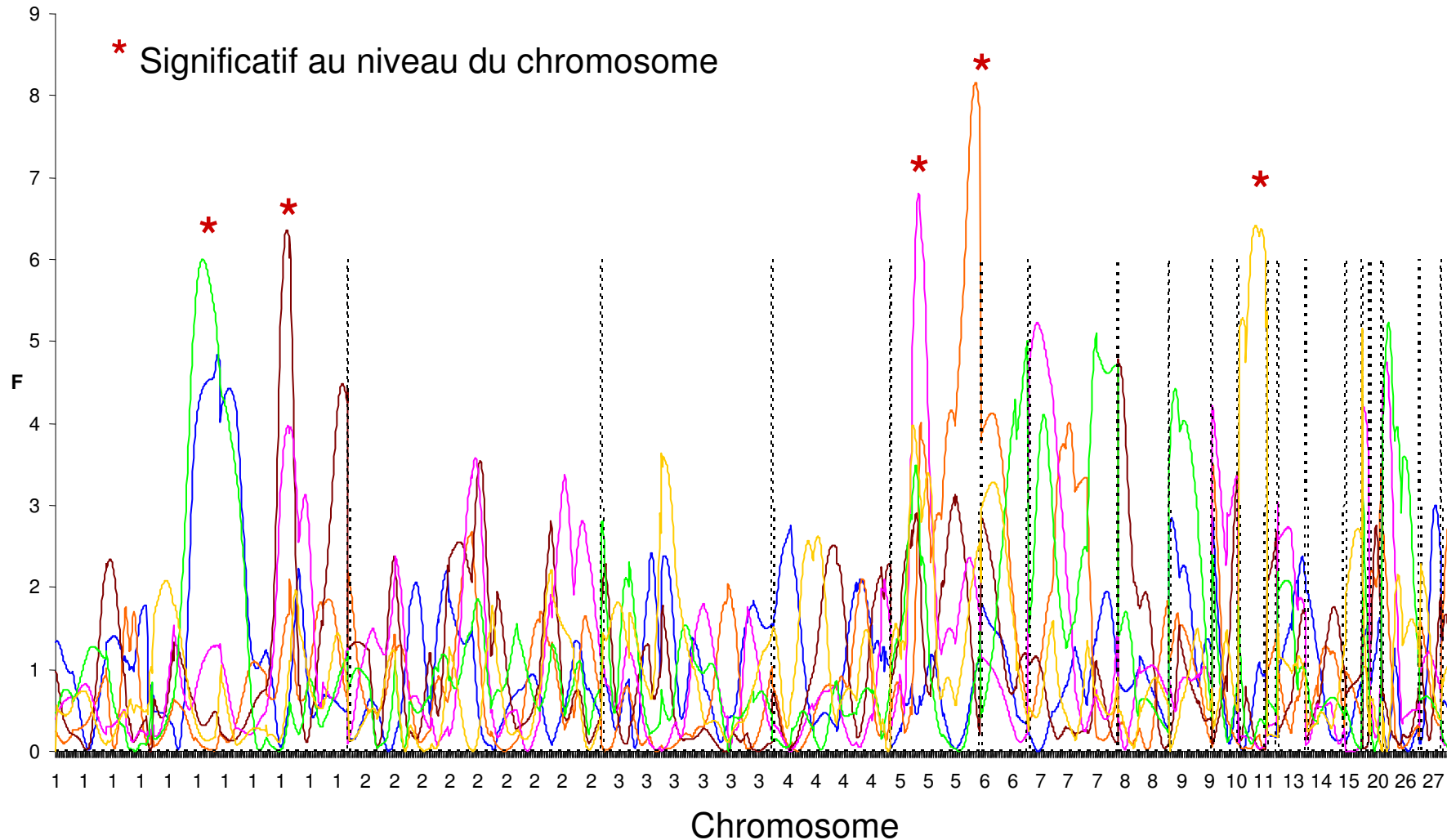
Potentiel glycolytique
Glycogène résiduel
Acide lactique
pH à 15 minutes
pH ultime
Exsudat
Luminance L*
Indice de rouge a*
Indice de jaune b*

Croissance (1-9 sem.)
Composition corporelle
(% filet et gras)

Premières régions identifiées



- Lactate
- Glycogène
- Exsudat
- Luminosité
- pH ultime
- Couleur Jaune



Remerciements



INRA, URA :

V. Sibut, M. Duclos, E. Godet, T. Bordeau, E. Audouin
E. Le Bihan Duval, C. Hennequet, J. Nadaf

INRA, LGC :

F. Pitel, F. Vignoles, S. Leroux

INRA, QuaPa :

V. Santé-Lhoutellier, P. Vernin

ITAVI :

J. Champagne, P. Le Loup

Hubbard :

Y. Jégo