

La conduite des bœufs au pâturage modifie les caractéristiques métaboliques des muscles et l'expression de certains gènes musculaires

Pasture-based systems influence muscle metabolic characteristics and gene expression in steers

I. CASSAR-MALEK (1), C. JURIE (1), C. BERNARD (1), I. BARNOLA (1), G. GENTES (1), N. GUIVIER (1), D. DOZIAS (2), D. MICOL (1), J.F. HOCQUETTE (1)

(1) INRA, Unité de Recherche sur les Herbivores, 63122 St-Genès-Champanelle, France

(2) INRA, Domaine expérimental animal du Pin au Haras, 61310 Exmes, France

INTRODUCTION

Dans les systèmes de production de viande bovine, la conduite des bœufs au pâturage est pratiquée afin d'améliorer la qualité et l'image de la viande issue de ces animaux ainsi que leur bien-être. Cependant, les effets respectifs de la mobilité et de l'alimentation sur les caractéristiques musculaires des bovins au pâturage ne sont pas connus. Cette étude a pour but de comparer l'influence de la nature du régime et du déplacement sur les caractéristiques musculaires de bœufs de 30 mois. Un autre objectif est d'identifier des gènes musculaires différemment exprimés en fonction de la conduite.

1. MATERIEL ET METHODES

Quatre groupes de 6 bœufs Charolais abattus à 30 mois ont été alimentés à l'auge avec de l'herbe coupée ou de l'ensilage de maïs du sevrage à l'abattage et ont effectué, ou non, une heure de marche quotidienne durant la dernière saison estivale. Un groupe supplémentaire de 6 bœufs a été conduit au pâturage. Les activités enzymatiques représentatives des métabolismes oxydatif (Isocitrate déshydrogénase [ICDH], citrate synthase [CS], hydroxyacyl-CoA déshydrogénase [HAD]) et glycolytique (lactate déshydrogénase [LDH] et phosphofructokinase [PFK]) ont été mesurées, comme précédemment décrit (Jurie *et al.*, 2000), dans les muscles *Rectus abdominis* (RA, bavette de flanchet) et *Semitenidosus* (ST, rond de gîte). Une analyse de variance (procédure GLM de SAS, analyse de contrastes) a été effectuée afin d'analyser les effets de la nature du régime (herbe vs maïs) et du déplacement (forcé [1 h / jour et pâturage] vs réduit) sur le métabolisme musculaire.

De plus, une analyse du transcriptome musculaire a été réalisée afin de comparer le niveau d'expression des gènes dans les muscles RA et ST des animaux alimentés à l'ensilage de maïs à l'auge ou conduits au pâturage. Cette analyse a été réalisée sur des macroarrays comportant un répertoire d'ADNc bovins (1896 clones) de muscle, d'embryon et de mamelle, issu du programme ROGER (Martin *et al.*, 2003). Les échantillons d'ARNm de 6 animaux ont été mélangés pour constituer des pools représentatifs de chaque muscle et de chaque conduite. Ils ont été rétrotranscrits et marqués au ³³P. Huit macroarrays au total ont été hybridés par échantillon répartis dans deux expériences différentes. Les données ont été analysées avec le logiciel GeneANOVA (Didier *et al.*, 2002) qui permet d'effectuer une Analyse en Composantes Principales (ACP) et une analyse de variance (ANOVA).

2. RESULTATS

Les activités des enzymes oxydatives (tableau 1) sont supérieures dans les muscles des bœufs à l'herbe, en particulier les activités ICDH dans le RA (P < 0,01) et HAD dans le ST (P < 0,01). Les activités CS et HAD dans les deux muscles et l'activité ICDH dans le RA sont les plus élevées chez les bœufs ayant un déplacement quotidien.

Tableau 1 : influence du régime et du déplacement sur l'activité des enzymes du métabolisme musculaire.

	Régime (R)		Déplacement (D)		Effets
	Herbe (n=18)	Maïs (n=12)	forcé (n=18)	réduit (n=12)	
<i>muscle RA</i>					
PFK	18,5 ± 6,0	18,6 ± 4,9	17,2 ± 5,5	20,5 ± 5,2	D** R**, D** R ¹ , D**
LDH	713 ± 96	667 ± 65	696 ± 98	693 ± 72	
CS	5,5 ± 0,7	5,2 ± 0,8	5,7 ± 0,7	4,9 ± 0,5	
ICDH	1,5 ± 0,3	1,2 ± 0,2	1,5 ± 0,3	1,2 ± 0,3	
HAD	2,1 ± 0,3	2,0 ± 0,2	2,2 ± 0,3	1,9 ± 0,2	
<i>muscle ST</i>					
PFK	28,3 ± 7,9	27,4 ± 7,8	27,9 ± 7,8	28,0 ± 7,9	D* R**, D**
LDH	1002 ± 96	980 ± 83	985 ± 91	1005 ± 91	
CS	4,8 ± 0,6	4,5 ± 0,9	4,9 ± 0,8	4,3 ± 0,6	
ICDH	1,0 ± 0,2	1,0 ± 0,3	1,0 ± 0,3	1,0 ± 0,2	
HAD	1,7 ± 0,3	1,4 ± 0,3	1,7 ± 0,4	1,3 ± 0,2	

L'ACP des données du transcriptome met en évidence que le type de muscle est plus discriminant que la conduite. L'analyse ANOVA (tableau 2) révèle l'expression de gènes différemment exprimés en fonction du mode de conduite, en particulier celle du gène de la Sélénoprotéine W (p < 0,0001). Une sous-expression de ce gène (- 37,5%) est observée dans le muscle RA des bovins au pâturage en comparaison de ceux alimentés à l'ensilage de maïs à l'auge. Ce résultat a été confirmé par Northern-Blot.

Tableau 2 : exemples de gènes ayant une expression différentielle très significative en fonction du type de muscle (p < 0,0001) ou du mode de conduite (p < 0,002).

Type de muscle (ST / RA)	Conduite (Maïs / Pâturage)
Chaîne lourde de myosine 2x	Sélénoprotéine W
Anhydrase carbonique III	Créatine kinase M
NADH deshydrogénase 6	Troponine T lente
GAPDH	Chaîne lourde de myosine 2x
ATPases Serca1 et Serca2	Protéine LIM
Tropomyosine 2	Gènes inconnus
Aldolase a	

CONCLUSION

Ces données indiquent que des adaptations du métabolisme spécifiques du type de muscle ont lieu en réponse aux modifications du régime ou de la mobilité. Parmi les gènes musculaires ayant une expression différentielle, celui de la Sélénoprotéine W (antioxydant) pourrait s'avérer être un nouvel indicateur, sous-exprimé dans la conduite au pâturage. Son expression pourrait être régulée par le niveau d'apport en sélénium de la ration ou par la mobilité.

Jurie, C., *et al.* 2000. Viande Prod. Carnés. Hors série, 59-64

Didier, G., *et al.* 2002. Bioinformatics, 18, 490-491

Martin P., *et al.* 2003. Renc. Rech. Ruminants, 10, 62