

UMR Herbivores

Equipe Biomarqueurs des performances, de l'adaptation et des qualités (Biomarqueurs)

Réseaux de gènes impliqués dans l'hypertrophie musculaire des bovins Blonds d'Aquitaine

Pour comprendre les mécanismes de l'hypertrophie musculaire des bovins Blonds d'Aquitaine, nous avons comparé le transcriptome musculaire de fœtus Blond d'Aquitaine et Charolais au cours de la gestation. Cette analyse a révélé des profils d'expression et des réseaux géniques liés à la progression de la myogenèse communs aux deux races, et une réduction des transcrits mitochondriaux et du métabolisme oxydatif spécifique aux Blonds d'Aquitaine. Deux candidats régulateurs de l'hypertrophie (TFB1M et NRIP2) ont été identifiés.

Un enjeu au niveau international pour le secteur bovin est de maîtriser le développement musculaire des bovins en lien avec leur génétique et leur efficacité alimentaire ainsi que les qualités sensorielles de leur viande. Chez les bovins Blonds d'Aquitaine (3e race allaitante française), une mutation spécifique à la race dans l'intron 2 du gène codant la myostatine (MSTN) est à l'origine d'un phénotype hypermusclé (Bouyer et al, 2014) et de caractéristiques musculaires rapides glycolytiques proches de celles de bovins culards. Ce phénotype se développe après la naissance mais trouve son origine dès la vie fœtale au cours de laquelle le muscle des bovins se met en place. Cette étude avait pour objectif d'identifier les réseaux géniques impliqués dans le phénotype musculaire des bovins Blonds d'Aquitaine.

Pour décrire les réseaux de gènes impliqués dans le développement de l'hypermuscularité, nous avons comparé les profils transcriptomiques musculaires de fœtus Blonds d'Aquitaine et de fœtus Charolais à plusieurs stades du développement (110, 180, 210 et 260 jours post conception) [jeu de données GEO GSE60844]. Des profils communs aux deux races ont été détectés. Ils illustrent l'acquisition des propriétés contractiles et métaboliques des muscles en préparation de la naissance : disparition des isoformes embryonnaires des protéines contractiles, apparition des enzymes du métabolisme mitochondrial. L'augmentation de l'abondance du transcrit C13H20ORF194, qui code une protéine très fortement conservée chez les vertébrés mais dont la fonction est inconnue, a également été révélée. Des signatures d'expression spécifiques aux fœtus Blonds d'Aquitaine ont été observées: surexpression de MSTN, sous-expression des gènes du métabolisme oxydatif dès 210 jours post conception et de 68% du mitoprotéome à 260 jours. Ces observations confirment celles réalisées par une équipe australienne sur des fœtus croisés Piedmontais x Hereford porteurs d'une autre mutation myostatine (Hudson et al, 2009). Une comparaison de la topologie des réseaux moléculaires (analyse de connectivité différentielle) a été réalisée dans les 2 races françaises afin d'identifier des sous-réseaux impactés par la mutation et des régulateurs du phénotype hypermusclé. Elle a montré peu de différences pour les facteurs régulateurs majeurs connus de la myogenèse (MYOD1, MYOG, MYF5 and MEF2C) mais un comportement similaire à celui de MSTN pour le régulateur transcriptionnel NRIP2 et le facteur de transcription mitochondrial TFB1M. Ceci suggère que ces régulateurs de l'expression génique et de la biogenèse des mitochondries pourraient constituer des facteurs clé pour l'hypertrophie et l'orientation des caractéristiques musculaires.

Les connaissances issues de cette étude contribuent à l'établissement d'une référence pour comprendre les mécanismes d'élaboration des muscles et de la qualité de viande, analyser l'influence de la nutrition maternelle sur le développement musculaire et orienter précocement le phénotype des bovins viande.

Valorisation

Cassar-Malek, I., Boby, C., Picard, B., Reverter Gomez, A., Hudson, N. (2017). Molecular regulation of high muscle mass in developing Blonde d'Aquitaine cattle fetuses. *Biology Open*, bio.024950. DOI : 10.1242/bio.024950

Series Accession:GSE60844 ; ID:200060844

Contact : Cassar-Malek Isabelle, isabelle.cassar-malek@inra.fr, UMR Herbivores, F-63122 Saint-Genès-Champagnelle, France.

