



HAL
open science

Biomarqueurs pour discriminer des classes de qualité sensorielle et technologique des viandes de porc

Bénédicte Lebret, Rosa Castellano, Annie Vincent, Justine Faure, Maela Kloareg

► **To cite this version:**

Bénédicte Lebret, Rosa Castellano, Annie Vincent, Justine Faure, Maela Kloareg. Biomarqueurs pour discriminer des classes de qualité sensorielle et technologique des viandes de porc. 16. Journées Sciences du Muscle et Technologies des Viandes, Nov 2016, Paris, France. hal-02742937

HAL Id: hal-02742937

<https://hal.inrae.fr/hal-02742937v1>

Submitted on 3 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

BIOMARQUEURS POUR DISCRIMINER DES CLASSES DE QUALITE SENSORIELLE ET TECHNOLOGIQUE DES VIANDES DE PORC

LEBRET B.^{1,2}, CASTELLANO R.^{1,2}, VINCENT A.^{1,2}, FAURE J.^{1,2}, KLOAREG M.³

¹ INRA, UMR 1348 PEGASE, 35590 Saint-Gilles, France ;

²Agrocampus Ouest, UMR 1348 PEGASE, 35000 Rennes, France

³ Kuzulia, 29860 Plabennec, France

benedicte.lebret@inra.fr

Abstract: Biomarkers to discriminate sensory and technological pork quality classes

Meat quality (MQ) is a complex phenotype assed by different indicators measured using costly and/or invasive analyses. Early post-mortem (*pm*) biomarkers of MQ have been identified, but they refer to a single MQ trait and not to the overall quality of pork samples. This study was aimed at determining pork quality classes combining both sensory and technological dimensions. Then, combinations of biomarkers discriminating between quality classes were identified to further predict MQ level of pork loins. Sensory, technological and gene expression data were collected on 100 pig *Longissimus lumborum* muscle samples (last rib level) exhibiting a wide and gradual variability in MQ. Scientific and statistical approaches were combined to select indicators and their threshold values specifying quality classes differing on sensory and technological attributes: low, acceptable, and extra quality. Gene expressions were used as predictive variables in a generalized linear model to discriminate quality classes. The best model included expression levels of 12 genes (18% error rate on known data, 24% after cross validation). Based on these results, the ability to detect high quality loins early *pm* could be useful in the meat industry and pork chains of high quality products.

Introduction

Les composantes sensorielles et technologiques de la viande de porc dépendent du type génétique, des conditions d'élevage et d'abattage des animaux et des procédés de transformation des produits. La qualité de viande (QV) est un phénotype complexe qui ne peut être déterminé que quelques jours après abattage par des méthodes souvent coûteuses et/ou invasives. Même lorsque ses principaux facteurs de variation sont maîtrisés, la QV présente une variabilité élevée et est difficile à prédire. Les méthodes de génomique fonctionnelle ont été récemment appliquées à l'identification de biomarqueurs post-mortem (*pm*) précoces de qualité dans plusieurs espèces (te Pas *et al.*, 2011 ; Picard *et al.*, 2015). Chez le porc, des biomarqueurs ont été identifiés puis validés dans un dispositif expérimental (n=100) présentant une variabilité progressive et élevée de QV. Les associations entre les caractères de qualité et le transcriptome du muscle *Longissimus lumborum* (LL, 30 min *pm*) déterminé sur un sous-échantillon (n=50) ont permis d'identifier des biomarqueurs qui ont été testés (RT-PCR) sur le reste du dispositif : 60 associations ont ainsi été validées, le niveau d'expression d'un gène expliquant jusqu'à 46% de la variabilité d'un caractère (Damon *et al.*, 2013). Afin d'améliorer la capacité prédictive des biomarqueurs, nous avons établi des classes de qualité technologique et sensorielle et recherché des biomarqueurs pour prédire rapidement après abattage le niveau (classe) de qualité de carcasses ou pièces.

Matériel et Méthodes

Classes de qualité. Les données de QV du LL (pH 30 min *pm*, pH ultime (pHu), couleur (L*, C*, h°), perte en eau à 3 j *pm*, teneur en lipides intramusculaires (LIM), force de cisaillement, notes de tendreté, jutosité, flaveur) obtenues sur 100 porcs Basque ou Large White produits dans différents systèmes d'élevage (Lebret *et al.*, 2015) ont été exploitées en combinant expertise et statistiques (analyse en composantes principales (ACP), analyse des correspondances multiples, classification ascendante hiérarchique; R package FactoMineR). Des indicateurs de QV et leurs valeurs seuils ont ainsi été retenus pour définir 3 classes de qualité : à défaut (D), correct (C) ou extra (E).

Niveau d'expression des gènes. Les données d'expression (qRT-PCR) de 40 gènes biomarqueurs de caractères de QV (Damon *et al.*, 2013) ont été exploitées. Après élimination des données aberrantes (ACP), une imputation de données a été réalisée (analyse multidimensionnelle) pour 52 échantillons présentant au moins une donnée manquante, en s'assurant de l'absence d'effet de l'imputation sur la distribution des données (R, missMDA). Au final, 93 échantillons présentant au maximum 7 données d'expression manquantes ont été considérés pour la suite des analyses.

Marqueurs moléculaires discriminant les classes de qualité. Afin de prédire l'appartenance d'un échantillon à une classe de qualité, un modèle linéaire multinomial généralisé a été calculé à partir des données d'expression génique en utilisant une sélection pas-à-pas et le critère d'information d'Akaike (R, fonctions multinom et step). Le seuil de probabilité pour prédire l'appartenance à la classe D a été fixé à 0,3 afin de réduire le risque de sur-classement d'échantillons. Une validation croisée (méthode « leave-one-out ») a ensuite été réalisée.

Résultats

L'expertise scientifique et les données de la littérature ont conduit à considérer 6 indicateurs de QV : pH30, pHu, perte en eau, L*, teneur en LIM, note de tendreté, parmi lesquels les plus discriminants ont été sélectionnés par statistiques.

Quatre indicateurs : pH 30, pHu, perte en eau, LIM et leurs valeurs seuils ont été retenus pour distinguer 3 classes de qualité : D (pH30 < 6,10 ou pHu < 5,50, i.e. PSE et tendance PSE ou acide et tendance acide, respectivement), C (perte en eau ≥ 1% ou LIM < 2,5%) et E (perte en eau < 1% et LIM ≥ 2,5%). Comme attendu, la classe D présente les valeurs de pH30 et pHu les plus basses et la perte en eau la plus élevée, l'inverse étant observé en classe E, la classe C étant intermédiaire (Tableau 1). Le taux de LIM est plus élevé en classe E mais ne diffère pas entre classes D et C. Concernant les autres indicateurs de QV, la classe E présente une viande moins claire et plus rouge (valeurs de L* et h° inférieures) que les classes D et C. La classe E présente une moindre force de cisaillement (P=0,11) et les notes de tendreté et de jutosité les plus élevées, l'inverse étant observé en classe D, la classe C étant intermédiaire.

Tableau 1: Caractéristiques des classes de qualité

	Défaut	Correct	Extra	Sign ¹ .
n	34	25	34	
pH 30 min ²	6.39 a	6.48 b	6.59 c	***
pHu ²	5.43 a	5.57 b	5.66 c	***
Perte eau, % ²	2.52 c	1.84 b	0.65 a	***
LIM, % ²	2.90 a	2.71 a	3.67 b	**
L*	54.3 b	51.3 b	49.5 a	***
h°	37.6 b	35.8 b	31.5 a	***
Force cis., N	28.8	29.2	26.2	P=0.11
Tendreté	4.07 a	4.40 ab	4.92 b	***
Jutosité	2.81 a	3.19 ab	3.36 b	*
Flaveur	4.24	4.40	4.43	ns

¹***: P<0.001; **: P<0.01; *: P<0.05; ns: P>0.05.

²Caractères considérés pour établir les classes de QV.

Le meilleur modèle pour prédire l'appartenance d'un échantillon à une classe de qualité inclut 12 gènes : GLOD4, PPARd, GUP1, HSPD1, YDJC, CCDC91, NAPI, FOS, LIPE, SPARC, IGF1 et MCAT comme meilleures variables prédictives. Le taux d'erreur estimé est de 18%, ce qui signifie que 82% des échantillons testés (n=93) sont bien classés (Tableau 2). Après validation croisée, le taux de bon classement est de 76% (24 % d'erreur) (Tableau 3).

Tableau 2 : Prédiction d'attribution dans les classes

		Prédit		
		D	C	E
observé	D	33	0	1
	C	7	15	3
	E	4	2	28

Tableau 3 : Validation croisée du modèle

		Prédit		
		D	C	E
observé	D	30	2	2
	C	9	13	3
	E	4	2	28

Discussion

La combinaison des approches d'expertise scientifique et d'analyse statistique a permis de définir 3 classes de qualité qui correspondent bien à différents niveaux de qualité sensorielle et technologique de la viande de porc, distinction importante pour les consommateurs comme pour les industriels de la filière. Notre jeu de données incluant des données de QV et d'expression génique a permis d'établir un modèle mathématique pour prédire le niveau de qualité technologique et sensorielle d'un échantillon de viande à partir du niveau d'expression de 12 gènes quantifiés dans le muscle LL prélevé quelques minutes *pm*. Après validation croisée, le taux moyen de bon classement est de 76%, avec 88% des échantillons D et 82% des échantillons E bien classés. Les gènes impliqués dans le modèle correspondent à différentes fonctions biologiques identifiées pour leur rôle dans la détermination des qualités technologiques et sensorielles de la viande : le métabolisme énergétique mitochondrial (GLOD4), le métabolisme lipidique (PPARd, LIPE, MCAT), le métabolisme des glucides (YDJC), le contrôle de l'expression génique (GUP1), les processus de régulation cellulaire et d'apoptose (HSPD1), le transport des protéines (CCDC91), le transport du calcium (FOS, SPARC), la structure et la contraction musculaires (SPARC) et l'hypertrophie musculaire (IGF1) (Damon *et al.*, 2013).

Conclusion

Des classes de qualité de viande discriminant les dimensions qualitatives technologiques et sensorielles des viandes de porc ont été déterminées. Un modèle mathématique de prédiction d'appartenance d'un échantillon donné à une classe de qualité a été établi. Ce modèle présente un taux élevé de bon classement des viandes, en particulier pour celles présentant des défauts, ou à l'inverse une qualité élevée. La mise à disposition d'outils permettant de discriminer rapidement après abattage les pièces sur leur niveau de qualité permettra aux industries d'optimiser la valorisation des pièces dans les filières conventionnelles comme les filières spécifiques dédiées aux produits de qualité.

Ce travail a été conduit dans le cadre du programme CASDAR Qualiporc et avec le soutien de la Région Bretagne.

Références bibliographiques

- Damon M., Denieul K., Vincent A., Bonhomme N., Wyszynska-Koko J., Leuret B. (2013). Meat Science, 95, 744-754.
 Leuret B., Ecolan P., Bonhomme N., Méteau K., Prunier A. (2015). Animal, 9, 1404-1413.
 Picard B., Leuret B., Cassar-Malek I., Liaubet L., Berri C., Le Bihan-Duval E. *et al.* (2015). Meat Science, 109, 18-26.
 te Pas M.F.W., Hoekman A.J.W., Smits M.A. (2011). Journal on Chain and Network Science, 11, 155-166.