



HAL
open science

Sélection Divergente sur le pH ultime du filet de poulet: premier bilan après 4 générations.

Elisabeth Le Bihan-Duval, Marie Chabault-Dhuit Chabault, Maryse Boulay,
Sarah S. Guardia, Yves Jégo, Elisabeth Baéza, Cécile Berri

► To cite this version:

Elisabeth Le Bihan-Duval, Marie Chabault-Dhuit Chabault, Maryse Boulay, Sarah S. Guardia, Yves Jégo, et al.. Sélection Divergente sur le pH ultime du filet de poulet: premier bilan après 4 générations.. 10. Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras, Mar 2014, La Rochelle, France. hal-02748221

HAL Id: hal-02748221

<https://hal.inrae.fr/hal-02748221v1>

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.

SELECTION DIVERGENTE SUR LE PH ULTIME DU FILET DE POULET :

PREMIER BILAN APRES 4 GENERATIONS.

LE BIHAN-DUVAL Elisabeth¹, CHABAULT Marie¹, BOULAY Maryse², GUARDIA Sarah³, JEGO Yves⁴, BAEZA Elisabeth¹, BERRI Cécile¹

¹INRA, UR 083, Unité de Recherches Avicoles, 37380 NOUZILLY

²SYSAAF, Centre INRA de Tours, 37380 NOUZILLY

³ITAVI, Unité de Recherches Avicoles, 37380 NOUZILLY

⁴Hubbard, La Pouhardière, 35220 CHATEAUBOURG

Elisabeth.Lebihan@tours.inra.fr

RÉSUMÉ

Avec les évolutions des modes de consommation vers davantage de produits découpés et élaborés, la qualité technologique de la viande de volaille est devenue un enjeu majeur pour l'industrie avicole. Celle-ci dépend largement du pH ultime (pHu) qui, selon une enquête dans les abattoirs français, est encore mal maîtrisé. Deux défauts majeurs existent : les viandes à pHu bas ($\leq 5,7$), dites acides, qui se caractérisent par une couleur pâle, une texture dure après cuisson et une mauvaise aptitude à la transformation, et les viandes à pHu élevé ($\geq 6,2$), dites « DFD », plus sombres et tendres, sèches en bouche et plus sensibles aux problèmes de conservation. Afin de comprendre le déterminisme génétique du pH ultime, une expérience de sélection divergente a été initiée à partir d'une souche commerciale de poulet standard. Les résultats des quatre premières générations de sélection confirment un fort déterminisme génétique du pH ultime, avec une héritabilité proche de 0,60. Ils montrent pour la première fois chez le poulet de chair l'efficacité de la sélection qui a abouti à une différence entre lignées de 0,37 unité pH, soit près de 2,5 écart-types phénotypiques. Au-delà du pH ultime, la sélection a entraîné des modifications de couleur, avec un filet plus pâle et plus jaune ($L^* = 51,7$ et $b^* = 10,3$) dans la lignée pHu-sélectionnée pour une faible valeur de pHu que dans la lignée pHu+ sélectionnée pour une forte valeur de pHu ($L^* = 45,6$ et $b^* = 8,9$). Si l'effort de sélection doit être poursuivi, les lignées se différencient d'ores et déjà nettement avec près de 50 % de viandes acides dans la lignée pHu- et 25 % de viandes DFD dans la lignée pHu+. Elles constituent un matériel unique pour rechercher les marqueurs moléculaires de la qualité des viandes dans une perspective de Sélection Assistée par Marqueurs (SAM) ou par Gènes (SAG).

ABSTRACT

First results after four generations of a divergent selection on breast meat ultimate pH in the chicken

With changes in modes of consumption towards more cut and elaborate products, the technological quality of meat has become a major issue for the poultry industry. This largely depends on the ultimate pH (pHu) which, according to a survey in French slaughterhouses, is still poorly controlled. Two major defects exist: "acid" meats with low ultimate pH (≤ 5.7) which are characterized by a pale color, hard texture after cooking and poor processability, and "DFD" meats with high ultimate pH (≥ 6.2) which are darker and tender, dry and more sensitive to conservation issues. In order to understand the genetic determinism of ultimate pH, a divergent selection experiment was initiated from a commercial line of standard chicken. The results of the first four generations of selection confirm a strong genetic determinism of ultimate pH, with heritability near 0.60. They show for the first time in the chicken the effectiveness of selection, which resulted in a difference between the lines of 0.37 pH units, or about 2.5 phenotypic standard deviations. Selection on ultimate pH has also resulted in color changes, with a breast meat paler and more yellow ($L^* = 51.7$ and $b^* = 10.3$) in the pHu- line selected for low values of pHu than in the pHu+ line selected for high values of pHu ($L^* = 45.6$ and $b^* = 8.9$). If the selection effort should be continued, the lines already differ significantly with nearly 50% of acid meat in line pHu- and 25% of DFD meat in line pHu+. They are a unique material to search for molecular markers of meat quality in a perspective of Marker Assisted Selection (MAS) or Gene Assisted Selection (SAG).

INTRODUCTION

Avec plus de 1,6 millions de tonnes équivalent carcasses (tec) en 2011, la viande de volaille est l'une des principales viandes consommées en France, au même niveau que la viande bovine et derrière la viande porcine à 1,9 million tec (Agreste Synthèses, Consommation, Mars 2012). Sa consommation a fortement évolué durant la dernière décennie, avec un recul important de la consommation de volailles entières (52% de la consommation du poulet en 1998 contre 32% en 2011) au profit des viandes découpées (33% en 1998 contre 42% en 2011) et des produits élaborés (15% en 1998 contre 26% en 2011). Au-delà du poids et de la conformation des animaux, l'aptitude de la viande à être conservée et transformée est donc devenue un enjeu majeur en filière chair.

Les enquêtes réalisées par l'ITAVI et l'INRA entre 2008 et 2010 dans les abattoirs français ont dressé le constat d'une forte hétérogénéité de qualité de la viande (notamment en termes de couleur, texture et rendement technologique) qui apparaît principalement liée à des variations de pH ultime (Berri et al., 2010). A la fois les mesures en laboratoire et les tests sensoriels, ont montré que lorsque le pH ultime descendait en dessous de 5,7, la viande était plus pâle, plus dure après cuisson (en raison d'un faible pouvoir de rétention en eau) et présentait un arrière goût d'acidité à la dégustation. A l'inverse, pour les plus fortes valeurs de pH ultime ($\geq 6,2$), la viande était sombre, tendre (en lien avec un fort pouvoir de rétention en eau) et sans arrière goût particulier lors de la dégustation (Gigaud et al., 2009). L'incidence de ces défauts est loin d'être négligeable puisque 18% des filets pour le poulet standard et de l'ordre de 50% pour le poulet label sont de type acide (c'est-à-dire qu'ils présentent un pH ultime inférieur ou égal à 5,7). Les viandes à pH ultime élevé ($\geq 6,2$), de type DFD (pour Dark, Firm and Dry), sont principalement observées pour les souches à croissance rapide, avec une incidence de l'ordre de 5% pour le poulet standard (Bouvalet et al., 2011). L'ensemble de ces données souligne l'importance de la maîtrise du pH ultime pour les qualités technologiques mais aussi sensorielles de la viande.

Les études menées en conditions expérimentales chez le poulet concluent toutes à un fort déterminisme génétique du pH ultime avec une héritabilité de l'ordre de 0,35 en souches intermédiaire ou standard (Le Bihan-Duval et al., 2001, 2008) et de 0,48 en souche label à croissance lente (Chabault et al., 2012). En conséquence, il semble possible de moduler ce caractère par sélection. C'est sur cette base qu'a été initiée une expérience de sélection divergente sur le pH ultime du filet au sein d'une souche standard de poulet de chair. Elle avait comme objectif de prouver la faisabilité d'une telle sélection et d'en évaluer les réponses associées. Disposer de lignées divergentes

présentant une forte incidence de défauts technologiques (comme les viandes acides ou DFD) permettra surtout de détecter les marqueurs moléculaires associés et de les utiliser en sélection pour limiter l'incidence des problèmes de qualité dans les populations commerciales.

1. MATERIELS ET METHODES

1.1. Elevage des animaux

La souche utilisée pour la sélection était une souche standard de type femelle, sélectionnée pour un équilibre entre croissance et reproduction. La mesure du pH ultime impliquant l'abattage des animaux, la sélection a été faite sur collatéraux. A chaque génération ont été produits un lot de futurs reproducteurs (de 462 à 674 animaux des deux lignées selon les générations) et deux lots de testage (de 725 à 917 animaux des deux lignées selon les générations). Afin de limiter les effets environnementaux, les animaux des deux lignées ont été mélangés pendant l'élevage. Ils ont été élevés au Pôle d'Expérimentation Avicole de Tours (PEAT) selon un protocole classique d'élevage du poulet de chair pour les animaux des lots testage (24 h de lumière la première semaine et 20L/4N jusqu'à l'abattage ; alimentation à volonté avec un régime démarrage de 0 à 3 semaines puis finition de 4 semaines d'âge jusqu'à l'abattage) ou avec un régime adapté en terme d'alimentation pour les futurs reproducteurs. A 6 semaines d'âge, les animaux des lots testage ont été pesés puis abattus à PEAT après un jeûne de 8 h. Après un ressuage à 2°C en chambre froide, le lendemain de l'abattage les carcasses ont été découpées et les mesures suivantes réalisées : pH ultime (pHu) par insertion directe d'une électrode dans le filet, mesure sur le même filet de la luminosité (L^*), de l'indice de rouge (a^*) et de jaune (b^*) à l'aide d'un colorimètre, composition corporelle par la mesure du pourcentage de gras abdominal et du rendement en filet rapportés au poids vif.

1.2. Estimation des paramètres génétiques et des réponses à la sélection

Partant d'une population unique en 2009 (issue de 42 pères et 127 mères), deux sous-populations ont été sélectionnées sur la seule valeur génétique du pHu soit pour l'augmenter (lignée pHu+) soit pour la diminuer (lignée pHu-). Au total pour les deux lignées, en moyenne 54 pères et 142 mères ont été utilisés comme reproducteurs à chaque génération, soit une pression de sélection de l'ordre de 19 % et 50 % sur les voies pères et mères, respectivement.

Les paramètres génétiques (héritabilités et corrélations génétiques) des mesures de testage ont été évalués à chaque génération par la méthodologie du REML à l'aide du logiciel VCE (Groeneveld et al., 2010). Ces paramètres ont ensuite été utilisés pour estimer les valeurs génétiques des futurs

reproducteurs grâce à un BLUP multi-caractère avec le logiciel PEST (Groeneveld et al., 1990). Les paramètres génétiques et les valeurs génétiques ont été estimés avec un modèle animal (N=7223) en considérant les effets fixés du lot et du sexe ainsi qu'un effet d'environnement commun maternel pour le poids vif à 6 semaines. L'évolution génétique pour chaque caractère a été estimée en faisant la moyenne à chaque génération des valeurs génétiques des animaux au sein de chaque lignée. Les évolutions phénotypiques présentées correspondent aux moyennes des performances observées intra-lignée et génération de testage.

2. RESULTATS

Héritabilités, corrélations génétiques et phénotypiques des mesures de testage

Les paramètres génétiques estimés sur la base des quatre premières générations de sélection confirment une forte héritabilité du pH ultime, estimée à 0,58 (Tableau 1). Les autres valeurs d'héritabilité sont quant-à-elles modérées (poids vif, couleurs rouge et jaune du filet) à fortes (pourcentages de filet et de gras abdominal, luminosité du filet). Une corrélation génétique largement négative est observée entre pHu et luminosité (L^*) du filet (-0,51) ainsi qu'une corrélation modérément négative entre pHu et coloration jaune du filet (-0,27). Luminosité et indice de jaune (b^*) sont génétiquement positivement corrélés (0,48), alors que luminosité et indice de rouge (a^*) sont négativement corrélés (-0,37). Les corrélations génétiques entre pHu et caractères de croissance étudiés sont dans l'ensemble faibles, si ce n'est une corrélation modérément positive entre pHu et rendement en filet (0,22). Les corrélations phénotypiques sont pour la plupart plus faibles (en valeur absolue) que les corrélations génétiques mais cohérentes en signe et en amplitude avec ces dernières. Il n'existe donc pas d'effets antagonistes, sur la variation des caractères étudiés, des facteurs génétiques ou environnementaux.

Evolutions génétiques et phénotypiques

Après quatre générations de sélection, les valeurs génétiques des animaux pour le pHu varient de près de 2 écart-types génétiques (ETG) entre les deux lignées divergentes (Figure 1a). La différence est de 1,4 ETG pour la luminosité, 0,9 ETG pour le jaune, 0,5 ETG pour le rendement en filet et 0,1 ETG pour le rouge. Au niveau phénotypique et après quatre générations de sélection, la différence observée entre les deux lignées pour le pH ultime est de 0,37 (6,07 pour les pHu+ vs 5,70 chez les pHu-), soit près de 2,5 écart-types phénotypiques (Figure 1b). Les deux lignées présentent des qualités de viandes très différenciées avec près de 50 % de viandes «acides»

dans la lignée pHu- et 25 % de viande «DFD» dans la lignée pHu+. Au-delà du pH ultime, la sélection a entraîné des modifications de couleur avec un filet plus pâle et plus jaune chez les pHu- ($L^*=51,7$ et $b^*=10,3$) que chez les pHu+ ($L^*=45,6$ et $b^*=8,9$). Le rendement en filet est légèrement mais significativement plus élevé chez les pHu+ par rapport aux pHu- (20,63 % vs. 20,09 %).

DISCUSSION ET CONCLUSION

Comme la plupart des caractères quantitatifs, le pH ultime de la viande a un déterminisme complexe. Ainsi, de nombreux facteurs peuvent le faire varier comme l'âge à l'abattage (Baéza et al., 2012), l'alimentation (Berri et al., 2008 ; Jlali et al., 2012), et la durée de mise à jeun ou celle du transport (Gigaud et al., 2007). Selon notre étude, la génétique est un déterminant majeur dans la variabilité du pH ultime, car les différences observées entre lignées après seulement quatre générations (près de 0,4 unités pH) dépassent largement les effets observés (entre 0,10 à 0,15 unité pH) lors des études précédentes sur les autres facteurs.

Les études préalables de lignées expérimentales divergentes ont montré qu'à des variations de croissance ou d'engraissement étaient associées des variations de pH ultime. Ainsi, les lignées divergentes à croissance lente ou rapide qui diffèrent à la fois pour le poids (d'un facteur 3) et l'engraissement abdominal (d'un facteur 10) présentent une forte variation du pH ultime du filet (inférieur de 0,4 unité pH chez les animaux les plus gros ; Nadaf et al., 2007). Les lignées maigre et grasse qui présentent un poids vif équivalent mais une forte différence d'engraissement (d'un facteur 3) présentent elles-aussi une différence, plus modérée, de pH ultime (inférieur de 0,13 unité pH chez les animaux les plus gras ; Sibut et al., 2008). A contrario, notre expérience de sélection démontre qu'il semble possible de moduler le pH ultime du filet sans affecter significativement la croissance et la composition corporelle des animaux. En effet, les corrélations génétiques entre le pH ultime et le poids vif ou l'état d'engraissement sont nulles. Par ailleurs, si une forte corrélation génétique (0,84) entre le poids et le pH ultime du filet avait précédemment été observée dans une souche standard (Le Bihan-Duval et al., 2008), pH ultime et rendement en filet n'apparaissent que modérément liés (0,22) dans la présente étude.

Si l'existence d'un contrôle génétique fort du pH ultime est aujourd'hui démontrée, les gènes et polymorphismes impliqués restent à identifier. Chez le poulet, le pH ultime du filet est, au niveau génétique, déterminé par le niveau des réserves de muscle en glycogène, comme l'indique la corrélation proche de 1 entre les deux caractères (-0,97 selon Le Bihan-Duval et al., 2008). Concernant les acteurs moléculaires mis en jeu, une activation de la protéine

AMPK (AMP-activated protein kinase), régulateur majeur du métabolisme énergétique, semble liée à une diminution des réserves du muscle en glycogène (Sibut et al., 2008). Rappelons que chez le porc, il a été montré que la mutation RN- au sein d'une sous unité de cette protéine était à l'origine d'un défaut majeur de qualité de la viande (acidité et capacité de rétention d'eau) du fait d'un excès de glycogène musculaire (Milan et al., 2000). La connaissance des régions du génome contrôlant le pH ultime et les caractères de qualité n'est encore que très partielle chez le poulet, même si des premiers QTL ont pu être identifiés (Nadaf et al., 2007 ; Demeure et al., 2012). Aucune des régions QTL identifiées ne contient la position de l'homologue du gène RN du porc ni ne permet, à ce stade, l'identification de gènes candidats chez le poulet. Les lignées divergentes pour le pH ultime ouvrent donc de nouvelles perspectives de

recherche de marqueurs moléculaires de la qualité des viandes, dans une perspective de Sélection Assistée par Marqueurs (SAM) ou par gène (SAG) comme alternatives à la sélection sur collatéraux. Elles permettront également d'approfondir la connaissance des mécanismes métaboliques et physiologiques impliqués dans le déterminisme du pH ultime chez le poulet.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Baéza E., Arnould C., Jali M., Chartrin P., Gigaud V., Mercierand F., Durand C., Méteau K., Le Bihan-Duval E., Berri C., 2012. *J Anim Sci*, (90), 2003-2013.
- Berri C., Besnard J., Relandeau C., 2008. *Poult. Sci.*, (87), 480-484.
- Berri C., Le Bihan-Duval E., Gigaud V., Baéza E., Duclos M.J., 2010. In *Proceedings of the 13th WPSA European Poultry Conference: 23-27 August 2010, Tours (France)*. 2010:9p.
- Bouvarel I., Arnould C., Baéza E., Bignon L., Gigaud V., Guémené D., Jondreville C., Le Bihan-Duval E., Lescoat P., Lessire M., Letierrier C., Nys Y., Travel A., Duclos M.J., Berri C., 2011. 9^{èmes} Journées de la Recherche Avicole, Tours, 29-30/03, 32-41.
- Chabault M., Baéza E., Gigaud V., Chartrin P., Chapuis H., Boulay M., Arnould C., D'Abbadie F., Berri C., Le Bihan-Duval E., 2012. *BMC Genetics*, (13), 90.
- Demeure O., Duclos M.J., Bacciu N., Le Mignon G., Filangi O., Pitel F., Boland A., Lagarrigue S., Cogburn L., Simon J., Le Roy P., Berri C., Le Bihan-Duval E., 2013. 10^{èmes} Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras, La Rochelles, 26-28/03.
- Gigaud V., Debut M., Berri C., Le Bihan-Duval E., Travel A., Bordeau T., 2007. 7^{èmes} Journées de la Recherche Avicole, Tours, 28-29/03, 480-484.
- Gigaud V., Le Bihan-Duval E., Berri C., 2009. 8^{èmes} Journées de la Recherche Avicole, Saint Malo, 25-26/03, 124-131.
- Groeneveld E., Kovac M., Wang T., 1990. 4th World Congress on genetics applied to livestock production, Edinburgh, 23-27/07, 488-491.
- Groeneveld E., Kovač M., Mielenz N., 2010. *VCE User's Guide and Reference Manual Version 6.0*.
- Jali M., Gigaud V., Métayer-Coustard S., Sellier N., Tesseraud S., Le Bihan-Duval E., Berri C., 2012. *J Anim Sci*, (90), 447-455.
- Le Bihan-Duval E., Berri C., Baéza E., Millet N., Beaumont, C., 2001. *Poult Sci*, (80), 839-843.
- Le Bihan-Duval E., Debut M., Berri C.M., Sellier N., Santé-Lhoutellier V., Jégo Y., Beaumont C., 2008. *BMC Genetics*, (9), 53.
- Milan D., Jeon J.T., Looft C., Amarger V., Robic A., Thelander M., Rogel-Gaillard C., Paul S., Ianucelli N., Rask L., Ronne H., Lundström K., Reinsch N., Gellin J., Kalm E., Le Roy P., Chardon P., Andersson L., 2000. *Science*, (288), 1248-1251.
- Nadaf J., Gilbert H., Pitel F., Berri C.M., Feve K., Beaumont C., Duclos M.J., Vignal A., Porter T.E., Simon J., Aggrey S.E., Cogburn L.A., Le Bihan-Duval E., 2007. *BMC Genomics*, (8), 155.
- Sibut V., Le Bihan-Duval E., Tesseraud S., Godet E., Bordeau T., Cailleau-Audouin E., Chartrin P., Duclos M.J., Berri C., 2008. *J Anim Sci*, (86), 2888-2896.

Tableau 1. Héritabilité (sur la diagonale en gras), corrélations génétiques (au dessus de la diagonale) et phénotypiques (au dessous de la diagonale) des mesures de testage.

	pHu	L*	a*	b*	Poids vif	% filet	% gras
pHu	0,58±0,03	-0,51±0,04	0,04±0,04	-0,27±0,04	-0,07±0,05	0,22±0,05	0,04±0,03
L*	-0,42*	0,56±0,03	-0,37±0,04	0,48±0,03	0,16±0,05	0,12±0,03	-0,15±0,05
a*	0,01	-0,36	0,40±0,03	0,28±0,05	-0,29±0,05	-0,12±0,03	-0,10±0,05
b*	-0,19	0,44	0,18	0,48±0,03	-0,17±0,05	-0,02±0,03	-0,28±0,05
Poids vif	0,00	0,15	-0,16	-0,04	0,28±0,03	0,36±0,03	0,24±0,04
% filet	0,13	0,07	-0,04	-0,01	0,21	0,56±0,03	0,06±0,02
% gras	-0,03	-0,03	-0,07	-0,11	0,07	-0,04	0,68±0,03

* les corrélations phénotypiques supérieures ou égales à 0,04 (en valeur absolue) sont significativement différentes de zéro.

Figure 1. Evolution génétique (en unité d'écart-type génétique, Figure 1a) et évolution phénotypique (en unité du caractère, Figure 1b) du pH ultime en fonction des générations de sélection dans les deux lignées divergentes.

