

MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE
UNIVERSITÉ MOULOUD MAMMERI, TIZI-OUZOU
FACULTÉ DES SCIENCES BIOLOGIQUES ET SCIENCES AGRONOMIQUES
DÉPARTEMENT DES SCIENCES AGRONOMIQUES



THÈSE DE DOCTORAT 3^{ème} Cycle LMD

Filière : Sciences Alimentaires

Spécialité : Biomarqueurs et prédiction de la qualité des aliments

Soutenu le **16.07.2023** par :

Melisa LAMRI

Sujet :

**A la recherche de biomarqueurs des qualités de la viande
caprine Algérienne**

Devant le jury d'examen composé de :

| | | |
|-------------------------|---|-----------------------|
| Pr. Si Ammar KADI | Université Mouloud Mammeri, Tizi-Ouzou | Président |
| Pr. Djamel DJENANE | Université Mouloud Mammeri, Tizi-Ouzou | Directeur de thèse |
| Dr. Mohammed GAGAOUA | INRAE, France | Co-Directeur de thèse |
| Pr. Khatima AIT-OU DHIA | Ecole Nationale Supérieure Vétérinaire (ENSV), Alger | Examinatrice |
| Pr. Khodir MADANI | Centre de Recherche en Technologies Agro-Alimentaires (CRTAA), Bejaia | Examineur |
| Dr. Azeddine MOUHOUS | Université Mouloud Mammeri, Tizi-Ouzou | Examineur |

Année universitaire : 2022/2023

A la mémoire de ma mère
Akkouche Djazira

*Je tiens à exprimer ma gratitude envers tous ceux qui ont eu confiance en moi et
qui m'ont accompagné durant cette expérience et qui ont cru en moi-même
quand moi je doutais de moi-même.*

Remerciements

En ce moment crucial de l'achèvement de ma thèse, je voudrais exprimer mon immense gratitude envers chaque personne qui a contribué, de manière significative, à sa réalisation. Tout d'abord, je suis redevable envers mes directeurs de thèse, **Professeur Djenane Djamel et Dr. Mohammed Gagaoua**, dont le soutien inébranlable, les conseils précieux et la patience inépuisable ont guidé ce voyage long et ardu. Leur sagacité et leur expertise ont été une source précieuse, améliorant grandement la qualité de cette recherche.

Un merci chaleureux au **Professeur Amira Leila Dib** de l'université de Constantine pour son aide et discussions scientifiques sur mon travail. Je souhaite aussi remercier l'équipe du laboratoire de recherche espagnol, le Centro Tecnológico da Carne, pour leur aide et accueil pendant mon séjour scientifique d'un mois. Je leur adresse ma reconnaissance la plus sincère. Je tiens également à remercier **Dr. Antonella della Malva** de l'université de Foggia, Italie pour son encadrement, sa contribution méthodologique et scientifique aux approches protéomiques et bio-informatiques développées dans cette thèse ainsi qu'au **Dr. Nassim Moula de l'université de Liège, Belgique** pour sa collaboration dans la partie caractérisation des pratiques d'élevage en région de Kabylie.

Mes sincères remerciements vont également aux membres de jury de mon comité de thèse : Pr Si Ammar KADI, Pr Khatima AIT-OUDHIA, Pr Khodir MADANI et Dr Azzedine MOUHOUS. Je vous remercie d'avoir bien voulu examiner mon travail de thèse.

Je tiens à exprimer ma reconnaissance spéciale à toutes les personnes qui ont rendu l'enquête sur le terrain possible : **Mr. Akkouche Abdelmalek, Dr. Aghilas Hamouche et Mr. Meklat. Dr Lamri Wahid**. De plus, j'adresse mes remerciements à tous les **éleveurs caprins** de la région de Tizi Ouzou, dont la coopération a rendu ce travail sur le terrain bien plus agréable. Enfin, je remercie les directeurs des services agricoles de la wilaya de Tizi Ouzou pour leur soutien.

J'adresse mes sincères remerciements à tous ceux qui m'ont soutenue et encouragée, particulièrement durant les moments les plus éprouvants de ce parcours. Enfin, ma plus profonde gratitude va à ma famille et mon mari, dont le soutien indéfectible et la foi indomptable en moi ont été la force motrice de ce voyage. Cette aventure a été un enrichissement inestimable, et ce grâce à vous.

Merci à tous du fond du cœur.

Sommaire

| | |
|---|----|
| Liste des publications et communications..... | |
| Listes des tableaux et figures | |
| Introduction | 1 |
| Chapitre I..... | 4 |
| I.1. Situation de la filière caprine | 4 |
| I.1.1. Dans le Monde..... | 4 |
| I.1.2. En Afrique et en Algérie..... | 5 |
| Chapitre II | 9 |
| II.1. Structure générale du muscle squelettique..... | 9 |
| II.1.1. Protéines filamenteuses / contractiles | 15 |
| II.1.2. Protéines de régulation | 15 |
| II.1.3. Protéines sarcoplasmiques..... | 16 |
| II.1.3.1. Myoglobine | 17 |
| II.1.3.2. Calpaïnes | 17 |
| II.1.3.3. Cathepsines..... | 17 |
| II.1.4. Protéines du tissu conjonctif | 18 |
| II.1.4.1. Collagène..... | 18 |
| II.1.4.2 Elastine | 19 |
| II.1.5. Protéines de structure | 20 |
| II.2.1. Changements <i>post-mortem</i> du muscle..... | 20 |
| II.2.1.1. Phase de pantelante/ Phase pré <i>rigor-mortis</i> | 22 |
| II.2.1.2. Phase de rigidité cadavérique | 23 |
| II.2.1.3. Phase de maturation | 24 |
| II.2.1.4. Mort cellulaire/apoptose..... | 24 |
| Chapitre III | 26 |
| III.1. Paramètres déterminants de la qualité de la viande | 26 |
| III.1.1. Tendreté | 27 |
| III.1.2. Couleur..... | 27 |
| III.1.3. Jutosité | 30 |
| III.1.4. Flaveur | 30 |
| III.1.5. Capacité de rétention d'eau (CRE) | 31 |
| III.1.6. Potentiel hydrogène (pH)..... | 33 |
| III.1.7. Bref aperçu sur la composition et valeurs nutritionnelles de la viande de chèvre | 33 |
| III.2. Facteurs de variation..... | 34 |

| | |
|--|----|
| III.2.1. Type de fibres Musculaires | 34 |
| III.2.2. Âge | 35 |
| III.2.3. Sexe | 36 |
| III.2.4. Race | 36 |
| III.2.5. Transport et abattage | 37 |
| III.2.6. Pratiques d'élevages et alimentation | 38 |
| Chapitre IV | 39 |
| IV.1. Biomarqueurs de la qualité de la viande | 39 |
| IV.1.1. Démarches pour l'identification des biomarqueurs | 39 |
| IV.1.1. Phase de préparation | 40 |
| IV.1.2. Découverte et identification | 40 |
| IV.1.3. Phases de qualification et validation | 41 |
| IV.2. Approche Protéomique | 42 |
| IV.3. Approche protéomique et qualité de la viande | 46 |
| IV.3.1. Protéome du muscle post-mortem | 46 |
| IV.3.2. Potentiel hydrogène (pH) | 47 |
| IV.3.3. Couleur | 48 |
| IV.3.4. Tendreté | 50 |
| IV.3.5. Capacité de rétention d'eau | 51 |
| Objectifs du travail de thèse | 54 |
| Contexte et objectifs de la thèse | 55 |
| Méthodologie et dispositif expérimental | 54 |
| Volet 1 : Analyse de la situation filière viande caprine en Algérie | 57 |
| 1. Caractérisation des pratiques d'élevage en région de Kabylie (Tizi Ouzou) | 58 |
| 2. Consommation de la viande caprine en région de Kabylie | 59 |
| Volets 2 et 3 : caractérisation physico-chimique du muscle et approche protéomique de la viande caprine et de sa qualité | 60 |
| 1. Echantillonnage | 60 |
| 2. Méthodes | 61 |
| 2.1. Mesure de pH | 61 |
| 2.2. Détermination de la couleur | 62 |
| 2.3. Détermination de la capacité de rétention d'eau et perte en eau | 62 |
| 2.4. Détermination de la perte en eau à la cuisson | 63 |
| 2.5. Mesure de l'indice de fragmentation myofibrillaire (IFM) | 63 |
| 2.6. Approche protéomique | 63 |

| | |
|--|----|
| 2.6.1. Extraction et quantification des protéines musculaires..... | 64 |
| 2.6.2. Préparation de bandes protéiques pour la protéomique shotgun à l'aide de l'électrophorèse unidimensionnelle SDS PAGE | 64 |
| 2.6.4. L'analyse statistique..... | 65 |
| Résultats et discussion..... | 58 |
| Publication 1 | 68 |
| Publication 2..... | 69 |
| Publication 3..... | 70 |
| Publication 4..... | 71 |
| DISCUSSION GENERALE | 72 |
| Conclusion et perspectives | 89 |
| Références Références bibliographiques | 92 |

Liste des publications et communications

1. Publications scientifiques

1. **Lamri M.**, Bhattacharya T., Boukid F., Chentir I., Dib A.L., Das D., Djenane D. & Gagaoua M. (2021) Nanotechnology as a Processing and Packaging Tool to Improve Meat Quality and Safety. *Foods* 10, 2633.
2. **Lamri M.**, Djenane D., Gagaoua M. (2022) Goat meat consumption patterns and preferences in three provinces of Kabylia region in Algeria compared to other meat species: Results of an online survey, *Meat Technology* 63(2), 96-108.
3. **Lamri M.**, della Malva A., Djenane D., López-Pedrouso M., Franco D., Albenzio M., Lorenzo J.M. & Gagaoua M. (2023) Towards the discovery of goat meat quality biomarkers using label-free proteomics. *Journal of proteomics* 278, 104868.
4. **Lamri M.**, Moula N., Djenane D., Gagaoua M. (2023) Characterization and multivariate typology of goat farming systems in Kabylia region in the North of Algeria, *Small Ruminant Research (In press)*
5. **Lamri M.**, della Malva A., Djenane D., Albenzio M. & Gagaoua M. (2023) First insights into the dynamic protein changes in goat Semitendinosus muscle during the post-mortem period using high-throughput proteomics. *Meat science* 202, 109207.

2. Communications scientifiques

Communications par poster

6. **Lamri, M.**, Djenane, D., & Gagaoua, M. (2018). Situation of the goat meat sector in Algeria: a focus on the region of Kabylia and use of omic techniques for mastering the quality of products. In: International Seminar on agri-food. On October 16 and 17, 2018, Guelma, Algeria. (Séminaire international).
7. **Lamri, M.**, Djenane, D., & Gagaoua, M. (2021). Frequency of goat meat consumption in Kabylia region (Bejaia, Bouira & Tizi-Ouzou) in Algeria compared to beef, horse, camel and chicken: Results of an online survey. The 1st international day on bioresources for food technology. 09th December. Algiers, Algeria. (Séminaire international).

Communications orales

8. **Lamri, M.**, Djenane, D., & Gagaoua, M. (2021). Situation of the goat meat sector in Algeria: a focus on the region of Kabylia. In: Virtual national conference on animal production. On June 01 and 03, 2021, Mostagenem, Algeria. (Séminaire national).
9. **Lamri, M.**, Djenane, D., & Gagaoua, M. (2022). Goat farming systems in Tizi-Ouzou province in the north of Algeria: characterization and typologies of practices of goat production. In: 1stInternational Hybrid seminar on "the optimization of the reproductive performance of livestock". On December 12 and 13, 2022, Blida, Algeria. (Séminaire international).

10. **Lamri, M.**, Djenane, D., & Gagaoua, M. (2022). Frequency of camel meat consumption in Kabylia region (Bejaia, Bouira & Tizi-Ouzou) in Algeria compared to goat, lamb, beef, horse and chicken: results of an online survey. In: 10th International seminar 10th International Seminar of Veterinary Medicine: Camelids in Algeria and the Maghreb. On December 20 and 21, 2022, Constantine, Algeria. (Séminaire international).

Listes des tableaux et figures

| | |
|---|----|
| Figure 1. Evolution des effectifs caprins en Algérie depuis 1990-2016. Source (ONS Algérie), Ministère de l'Agriculture, du développement rural et de la pêche..... | 6 |
| Figure 2. Races locales caprines algériennes, Arabia (respectivement, mâle et femelle) et Makatia..... | 7 |
| Figure 3. Races caprines locales algériennes, M'Zabiia et Kabyle..... | 7 |
| Figure 4. Anatomie du muscle squelettique strié, structure et organisation | 9 |
| Figure 5. Tissu squelettique strié avec trichrome de Masson | 10 |
| Figure 6. Ultrastructure de la fibre musculaire, du sarcomère, des myofilaments du muscle squelettique..... | 12 |
| Figure 7. Schéma de classification des protéines musculaires..... | 14 |
| Figure 8. Diagramme schématique d'un filament fin comprenant l'actine, la tropomyosine et le complexe de troponine T (TnT), troponine I (TnI) et troponine C (TnC)..... | 16 |
| Figure 9. Les différentes étapes décrivant le passage du muscle en viande..... | 22 |
| Figure 10. Schéma des voies d'apoptose déclenchées par l'action des caspases..... | 25 |
| Figure 11. Les différents pigments de myoglobines qui se forment dans les viandes fraîches par oxygénation ou oxydation du fer héminique..... | 29 |
| Figure 12. Le système CIE L*a*b*, Commission Internationale de l'Eclairage..... | 30 |
| Figure 13. Description des principales phases de la voie de découverte des biomarqueurs protéiques de la qualité de la viande | 39 |
| Figure 14. Les différentes étapes de l'analyse protéomique de l'échantillon biologique aux protéines identifiées..... | 44 |
| Figure 15. Stratégie protéomique appliquée pour la caractérisation de la viande..... | 46 |
| Figure 16. Les différentes étapes de l'analyse protéomique de l'échantillon biologique aux protéines identifiées..... | 54 |
| Figure 17. Schéma récapitulatif qui illustre les différentes parties de la thèse et les types d'animaux utilisés | 57 |
| Tableau 1. Diamètre moyen de la fibre musculaire du muscle <i>Longissimus Dorsi</i> de différentes espèces d'animaux de boucherie | 13 |
| Tableau 2. Caractéristiques biologiques des fibres musculaires | 13 |
| Tableau 3. Les protéines de structures trouvées dans les myofibrilles. | 20 |

Introduction générale

Introduction

Les caprins (*Capra hircus*) parmi les premiers petits ruminants à avoir été domestiqués par l'homme, exerçant ainsi une influence considérable sur l'histoire de l'humanité (Naderi et al. 2008). Ils sont devenus essentiels dans de nombreuses sociétés à travers le monde, offrant une multitude de ressources telles que viande, lait, fibres, cuir, et bien d'autres (Casey & Webb 2010). Ils se distinguent par leur curiosité naturelle, leur capacité à s'adapter, et leur aptitude à prospérer dans divers environnements, en plus de leur résilience face à des conditions arides grâce à leur métabolisme efficace, leur permettant de conserver l'eau et de résister à la sécheresse (Luikart et al. 2001; Usai et al. 2006; Salama et al. 2014). L'élevage caprin revêt une importance économique considérable, surtout en zone rurale. Toutefois, avec la croissance démographique et les défis liés au changement climatique, l'adoption de nouvelles techniques d'exploitation des ressources zootechniques disponibles, telles que les caprins est cruciale (Alexandre & Mandonnet 2005). D'ailleurs, ces dernières années, la production mondiale de caprins a connu une augmentation significative (Miller & Lu 2019). Ces animaux sont particulièrement adaptés à l'utilisation de ressources alimentaires de faible valeur nutritionnelle, peu compétitives pour l'homme, comme les parcours arbustifs ou les sous-produits agricoles (Moore et al. 2002; Boyazoglu et al. 2005). De plus, l'élevage de petits ruminants s'avère une alternative pertinente, tant d'un point de vue économique qu'agroécologique (Laouadi et al. 2018; Pulina et al. 2018; Mazhangara et al. 2019).

En Afrique, ces petits ruminants sont une longue tradition, notamment parmi les éleveurs nord-africains (Saidani et al. 2019a). Principalement élevés pour la subsistance durable et la réduction de la pauvreté, ces animaux génèrent des revenus significatifs (Alary et al. 2011b; Gnanda et al. 2016; Djagba et al. 2020). Majoritairement, ils sont élevés par de petits exploitants dans des systèmes agroécologiques extensifs (Casey & Webb 2010; Gracinda Andre et al. 2021). Selon la FAO en 2019, l'Algérie compte 5 millions de têtes de caprins, produisant en moyenne 18,8 milliers de tonnes de viande et 253 milliers de tonnes de lait. L'Algérie possède plusieurs races caprines autochtones telles que l'Arbia, la Naine de Kabylie, la M'zabite et la Mekatia (Ouchene-Khelifi et al. 2015). Cependant, des races importées telles que Saanen et Alpine gagnent en popularité en raison de leur haute productivité (Laouadi et al. 2018; Laouadi et al. 2020). Malgré l'augmentation de la production caprine, la recherche sur les caprins en Algérie est restée limitée, se concentrant principalement sur la caractérisation morpho-biométrique des races et la typologie des systèmes de production (Ouchene-Khelifi et al. 2015; Laouadi et al. 2018). De plus, les études concernant la production, la consommation et la caractérisation qualitative de la

viande caprine demeurent limitées (Gagaoua et al. 2023). Dans un contexte où la sécurité alimentaire, la nutrition et la santé des produits carnés sont des préoccupations croissantes pour les consommateurs (Bernués et al. 2003; Gagaoua & Picard 2020a; Kantono et al. 2021; Gagaoua et al. 2022a). La demande en viandes, y compris la viande caprine, connaît une hausse notable, particulièrement dans les pays en développement (Dubeuf et al. 2004; Mazhangara et al. 2019). Cette thèse se propose d'approfondir la compréhension de l'élevage caprin et de sa caractérisation, en s'appuyant sur des techniques avancées telles que la protéomique (Gagaoua & Picard 2022; Gagaoua et al. 2024). Bien que les méthodes -omiques aient révolutionné la recherche sur la viande, (Lopez-Pedrouso et al. 2020; Picard & Gagaoua 2020a; Munekata et al. 2021; Purslow et al. 2021; Sierra et al. 2021). Le protéome de la viande caprine reste relativement inexploré (Wang et al. 2016; Liu et al. 2018; Wei et al. 2019; Gu et al. 2020; Jia et al. 2021; Gu et al. 2022; Jia et al. 2022).

Ce travail vise donc à combler cette lacune. La transformation du muscle en viande est un processus complexe, impliquant une série de réactions biochimiques et physiques lors du stockage des carcasses, qui influence la qualité finale de la viande (Ouali et al. 2013; Hopkins & Ertbjerg 2023). La protéomique grâce aux avancées technologiques récentes, offre une perspective plus approfondie sur cette transformation, en mettant en évidence la dynamique des protéines (Gagaoua & Picard 2022; Gagaoua et al. 2024). Elle a été efficace pour identifier les mécanismes et les biomarqueurs liés à la qualité de la viande (D'Alessandro & Zolla 2013; Ouali et al. 2013).

Dans ce contexte de la production, de la consommation et de la caractérisation de la viande de chèvre en Algérie, notre travail vise à combler le retard cumulé et relancer la recherche sur la filière caprine, qui joue un rôle crucial dans le développement durable des localités productrices de chèvres. Alors que de nombreuses études ont déjà porté sur l'identification des biomarqueurs de qualité des autres animaux de boucheries (Wang et al. 2016; Liu et al. 2018; Wei et al. 2019; Gu et al. 2020; Jia et al. 2021; Gu et al. 2022; Jia et al. 2022). Il était donc primordial d'identifier de nouvelles caractéristiques biologiques du muscle qui influencent fortement la qualité de la viande caprine, afin de répondre aux enjeux de l'industrie de la viande caprine en Algérie et aux attentes des consommateurs qui sont soucieux d'adopter un mode de vie sain, qui peut être couvert dans une certaine mesure par la viande de chèvre, connue pour produire des carcasses maigres (Webb et al. 2005; Webb 2014).

Le projet de cette thèse se focalise, pour la première fois en Algérie, sur l'utilisation de techniques de caractérisation innovantes, notamment les approches omiques, en particulier la protéomique ([Gagaoua & Picard 2022](#); [Gagaoua et al. 2022](#)), pour démêler l'énorme complexité des protéomes (ou sous-protéomes) musculaires et ainsi fournir des détails significatifs sur les changements qui se produisent tôt après la mort ou au cours de la maturation ou même entre les types de muscles, ainsi que des comparaisons dans le modèle d'expression des protéines dans différentes conditions de production. (Lopez-Pedrouso et al. 2020; Picard & Gagaoua 2020a; Munekata et al. 2021; Purslow et al. 2021; Sierra et al. 2021)

La présente thèse cherche à répondre à plusieurs questions cruciales pour cela, elle se focalise sur trois axes principaux pour approfondir la compréhension de l'élevage caprin en Algérie, en particulier dans la région de Tizi-Ouzou, Kabylie. Le premier axe concerne l'analyse des systèmes et pratiques d'élevage caprin. Le second axe se concentre sur l'étude des habitudes de consommation de viande dans la région, en mettant l'accent sur la viande caprine, afin d'évaluer les préférences et l'intention d'achat des consommateurs. Le troisième axe explore l'analyse protéomique de la viande caprine pour identifier des biomarqueurs de qualité et comprendre les mécanismes d'attendrissage de la viande. Cette recherche vise à intégrer ces différents aspects pour enrichir la connaissance de la qualité de la viande caprine et contribuer au développement de l'élevage caprin en Algérie.



*Chapitre I : Situation de la filière
caprine*

Chapitre I

I.1. Situation de la filière caprine

Les caprins *Capra hircus*, ont été les premiers ruminants à être domestiqués et utilisés par l'homme comme sources de viande, de lait, de fibres, de cuir et d'autres produits dérivés et ont ainsi joué un rôle majeur dans l'histoire de l'humanité (Miranda-de la Lama & Mattiello 2010). Les caprins sont connues pour leur comportement sociable, curieux et intelligent, et sont considérées comme les ruminants les plus importantes par leur présence et distribution dans toutes les régions et tous les écosystèmes (Serrano et al. 2009; Devendra 2010). En effet, contrairement aux autres espèces animales, les chèvres ont cette haute capacité de s'adapter sauvagement à des conditions environnementales difficiles (Luikart et al. 2001; Usai et al. 2006). De plus, leur régime végétal extrêmement varié leur permet de s'adapter à de nombreux environnements diversifiés et de brouter des ressources pastorales spontanées (Morand-Fehr et al. 2004; Rosa García et al. 2012). L'élevage caprin est réparti dans tous les environnements agro-écologiques, avec une plus grande concentration dans les tropiques, les zones sèches, les pays en développement et dans tous les systèmes de production animale (Ahuya et al. 2005; Galal 2005; Casey & Webb 2010).

I.1.1. Dans le Monde

Selon la FAO (Food and Agriculture Organization), la population caprine est largement répandue dans le monde, avec un nombre total de caprins estimé à plus d'un million de têtes, dont 98% se trouvent dans les pays en développement. Ainsi, il existe environ 570 races et types de caprins dans le monde, dont 89% se trouvant en Afrique (FAOSTAT, 2018). Aujourd'hui, la production caprine est considérée comme une composante essentielle de l'économie nationale dans de nombreux pays et plus particulièrement, en Méditerranée et dans les régions du Moyen-Orient (Selvaggi et al. 2014). De plus, la consommation et la commercialisation des viandes de cette espèce sont en augmentation dans le monde entier, mais restent dépendantes des coutumes, des habitudes alimentaires et des préférences locales (Devendra 2010).

I.1.2. En Afrique et en Algérie

Contrairement à d'autres régions du monde où les caprins ne sont pas élevés pour leur viande qui est peu appréciée, cette dernière est fortement consommée par la majorité de la population d'Afrique (Tchouamo et al. 2005; Gnanda et al. 2016).

Ainsi, dans le continent africain, la population caprine mondiale est de 41,88% (FAOSTAT 2018). L'élevage de ces petits ruminants a toujours fait partie de la culture de production animale des éleveurs d'Afrique du Nord (Saidani et al. 2019b), et contribue fortement à des moyens de subsistance durables et à la réduction de la pauvreté (Kosgey & Okeyo 2007; Gnanda et al. 2016; Djagba et al. 2020).

Selon la FAO, la population caprine en Algérie a atteint les 4,9 millions de têtes en 2018, ce qui correspond à 14% du cheptel mondial des ruminants (FAOSTAT 2018). De plus, selon les statistiques du Ministère algérien de l'agriculture, du développement rural et de la pêche, cette population ne fait que croître depuis les années 90 (**Figure 1**). De ce fait, la chèvre algérienne est un important réservoir économique à partir duquel l'éleveur puise pour répondre à ses besoins. En effet, la production caprine reste une activité agricole très importante, notamment dans les régions difficiles comme les forêts, les montagnes, les steppes et le Sahara et contribue principalement à l'économie familiale des petits agriculteurs (Laouadi et al. 2018; Tefiel et al. 2018).

Les troupeaux caprins algériens sont caractérisés par l'existence de différentes populations réparties sur différents sites géographiques, renfermant des troupeaux pastoraux généralement associés aux ovins et élevés dans de petits systèmes agricoles mixtes. En outre, la chèvre algérienne comprend quatre races autochtones distinctes: l'Arabia, la M'zabit, la Makatia et la naine de Kabylie (**Figure 2 et 3**) (Laouadi et al. 2018; Chekikene et al. 2021).

Évolution des effectifs du cheptel caprin en Algérie

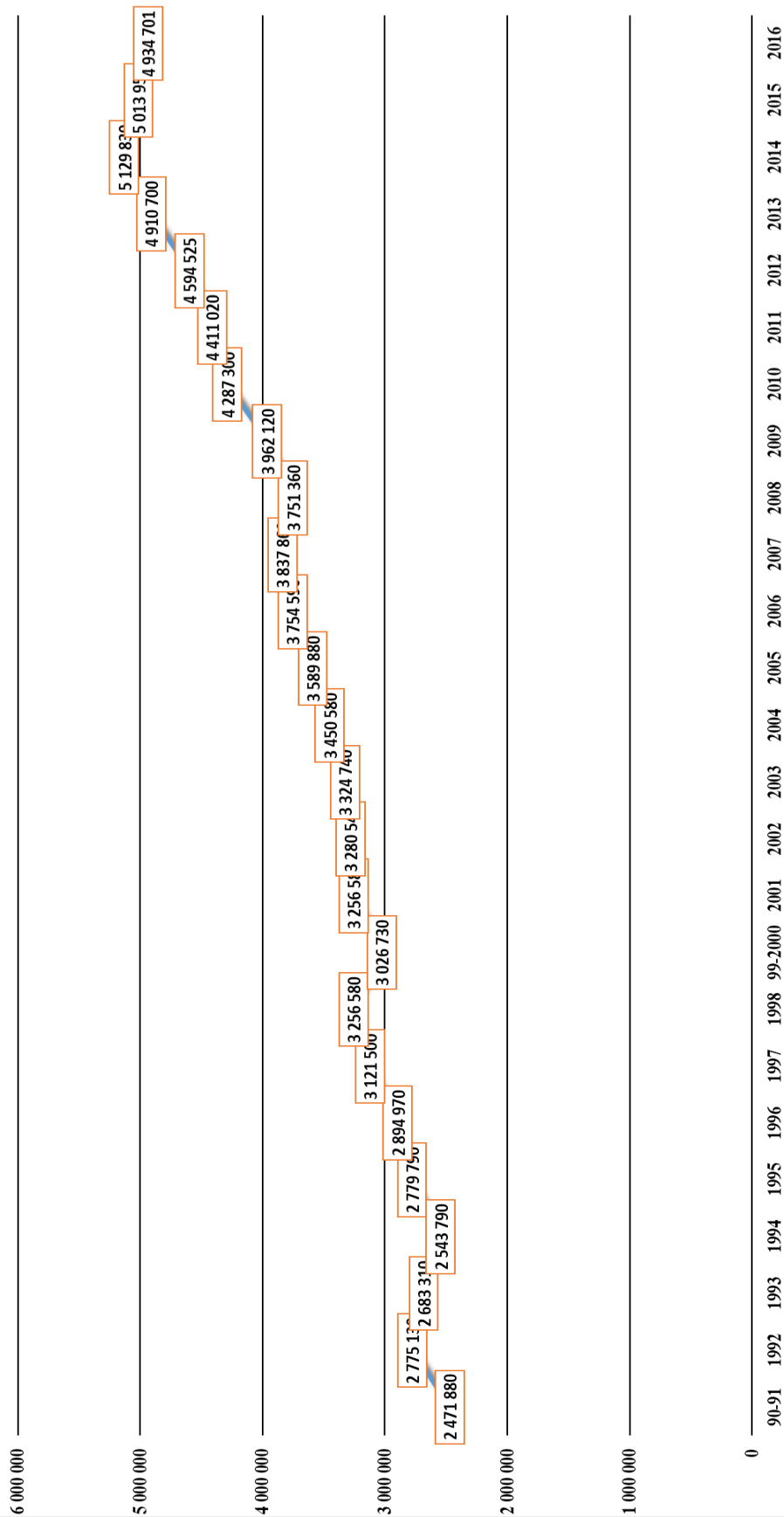


Figure 1. Evolution des effectifs caprins en Algérie depuis 1990-2016. Source (ONS Algérie), Ministère de l'Agriculture, du développement rural et de la pêche

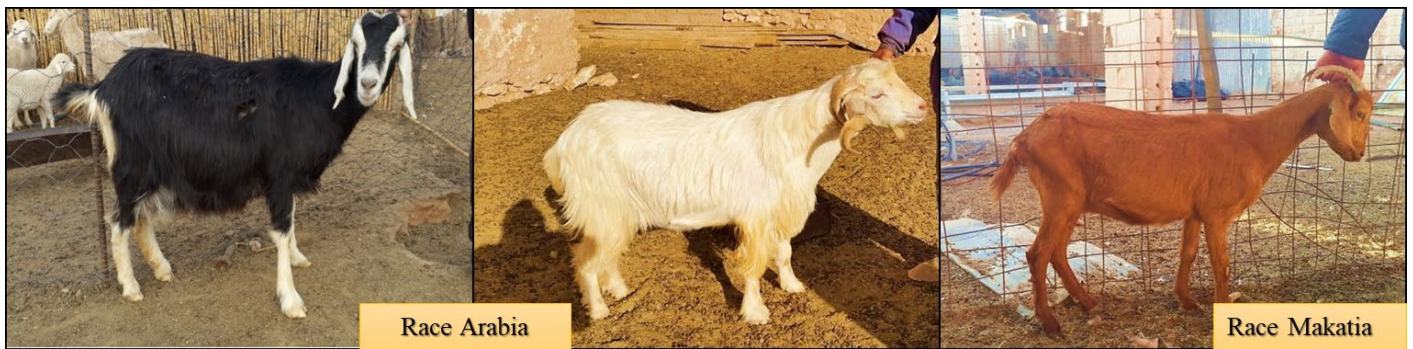


Figure 2. Races locales caprines algériennes, Arabia (respectivement, mâle et femelle) et Makatia (Laouadi et al. 2020; Chekikene et al. 2021).



Figure 3. Races caprines locales algériennes, M'Zabiia et Kabyle (Moula et al. 2014)

La race Arabia représente la population caprine la plus répandue en Algérie (Djouza & Chehma 2018), et, est soumise à des conditions de reproduction extensive, avec une capacité acceptable de production et de reproduction et une haute capacité d'adaptation aux conditions d'élevage extensif, faisant d'elle une race exceptionnelle parmi les autres races locales. Toutefois, au cours des dernières années, les races importées, comme Saanen, Alpine, Murcia, Chami ainsi que leurs races croisées, ont pris plus de place que les caprins de race locale, en raison de leur productivité et leur intérêt économique. D'après Kosgey et al. (2006), la généralisation des systèmes d'accouplement libre et le maintien des animaux de remplacement dans leur propre troupeau, augmentent le niveau de consanguinité, alors que la sélection d'animaux de remplacement en dehors de leurs propres troupeaux représente un risque élevé de pertes des races locales.

Bien que l'élevage caprin représente une source de revenus à plus de 800 000 petits éleveurs algériens (Alary et al. 2011a; Dekhili et al. 2013), il reste largement négligé et marginalisé et peut même être qualifié de niche. La chèvre algérienne est ainsi considérée comme une espèce secondaire associée à d'autres animaux dans des systèmes agricoles mixtes et dans de petites structures dépourvues d'organisation, ce qui entrave le développement de l'élevage. Dans cette optique, l'élaboration de plans de développement gouvernementaux est plus que nécessaire afin de mener à bien les activités liées à la conservation et à l'amélioration des systèmes de reproduction caprin et d'assurer la gestion durable des écosystèmes utilisés pour la production alimentaire (Djouza & Chehma 2018; Laouadi et al. 2018; Laouadi et al. 2020). En outre, la production de viandes caprine pourrait être rentable comparée aux autres productions de viandes rouges, en se basant sur le fait que les caprins sont capables de produire dans des conditions environnementales difficiles, une viande maigre et nutritive à un coût relativement faible (Ferreira et al. 2003). Ainsi, les rares travaux réalisés dans les différentes régions d'Algérie jusqu'à présent sur la production et l'élevage de caprins étaient axés soit sur la caractérisation morpho-biométrique, l'identification des populations de certaines races et la typologie des systèmes de production (Dekhili et al. 2013; Ouchene-Khelifi et al. 2015; Laouadi et al. 2020; Chekikene et al. 2021), ou bien, sur l'évaluation des performances de croissance et de potentiel producteur journalier de lait de chèvre dans des conditions d'élevage extensif (Mouhous et al. 2016; Djouza & Chehma 2018; Laouadi et al. 2018). D'après (Mouhous et al. 2021), les recherches caractérisant la filière de la viande caprine en termes, de production, de consommation et de distribution sur le territoire algérien sont très limitées et semblent nécessaires.



*Chapitre II : Muscle squelettique et
qualité de la viande*

Chapitre II

II.1. Structure générale du muscle squelettique

En général, d'un point de vue structural et physiologique, trois types de muscles sont distingués chez les animaux et sont composés, du muscle squelettique, des muscles lisses qui constituent la paroi des organes creux (vaisseaux sanguins, tractus gastro-intestinal, parois utérine ou parois des voies respiratoires) et du muscle cardiaque spécialisé dans la génération des contractions rythmiques et automatiques du cœur, sous le contrôle du système nerveux autonome. Ces deux derniers types de muscles sont importants pour l'homéostasie (Reece & Rowe 2017; Mukund & Subramaniam 2020). Quant au muscle strié squelettique ou muscle squelettique, il représente la plus grande partie de la masse musculaire et constitue environ 40% du poids vif chez les animaux (Frontera & Ochala 2015; Kim et al. 2016). Innervé par deux systèmes nerveux, ce muscle est intimement lié à la fonction du système nerveux périphérique et central (BERGE et al. 2003; Lohman et al. 2005).

Au cours de ce chapitre, les principales fonctions du muscle squelettique et son rapport avec la qualité de la viande seront développés. Ainsi, afin de pouvoir décrire le processus de contrôle de la qualité et du développement de la viande fraîche, nous devons avoir une compréhension raisonnable de la structure du muscle squelettique strié, qui est représentée dans la (**Figure 4**)

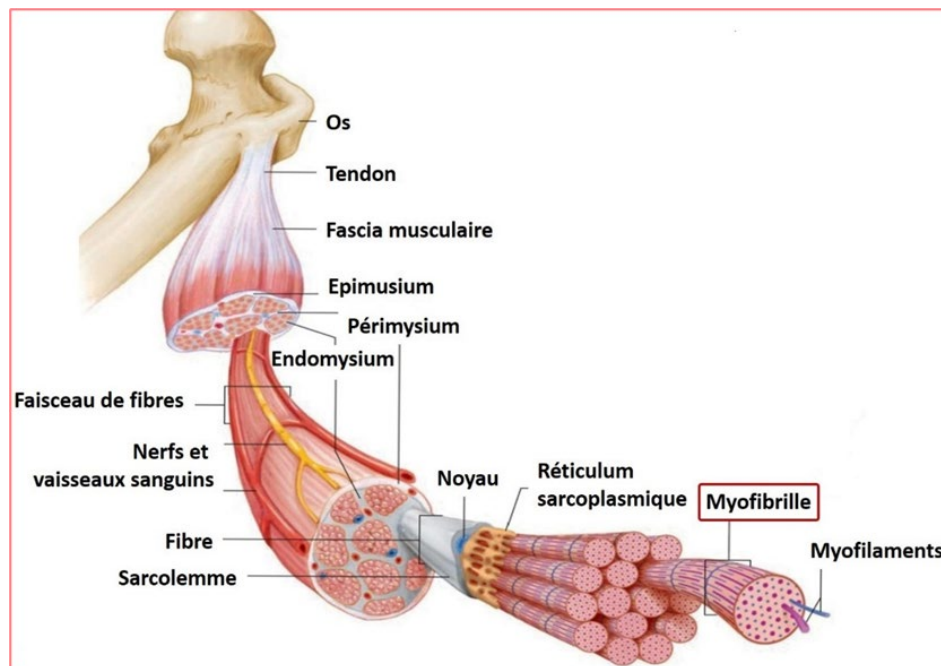


Figure 4. Anatomie du muscle squelettique strié, structure et organisation (Tortora & Derrickson 2013).

Le muscle squelettique représente la principale source de viandes de la carcasse chez les animaux, il est essentiellement composé de 90% de fibres musculaires et de 10% de tissus conjonctif et de tissus adipeux (Lefaucheur 2010; Astruc 2014; Listrat et al. 2016). Il est enveloppé dans son ensemble par une gaine de tissu conjonctif dense de collagène, dont l'**épimysium**, qui rend généralement la plupart des muscles imperméables (Eby et al. 2015). Chaque muscle est constitué de nombreuses fibres musculaires formant des faisceaux, séparées par une barrière de tissu conjonctif appelée le **pérимysium**. Ce dernier contient un réseau vasculaire et nerveux qui se bifurque pour approvisionner et innover individuellement les fibres musculaires. Ces dernières sont disposées d'une manière adjacente les unes sur les autres et sont séparées entre elles par une couche de tissu conjonctif vascularisé appelée l'**endomysium** (Mukund & Subramaniam 2020). Ces trois couches de tissu conjonctif fournissent un soutien organisationnel et structurel au muscle squelettique, comme illustré dans la (**Figure 5**) (Lawrence & Fowler 2002).

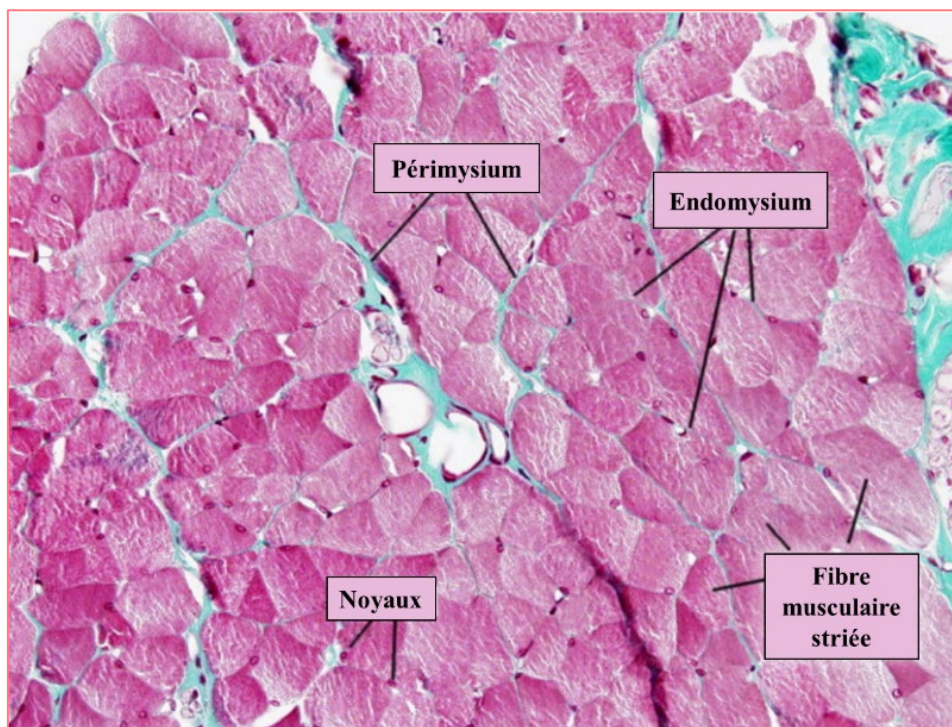


Figure 5. Tissu squelettique strié avec trichrome de Masson (Megías et al. 2017)

En outre, le muscle squelettique est un tissu contractile et essentiellement formé d'un ensemble de cellules musculaires multinucléées, géantes, filamenteuses, juxtaposées et hautement spécialisées, appelées fibres musculaires ayant comme rôle principal, la contraction musculaire. Ces dernières sont constituées de faisceaux de myofibrilles (Strasburg & Xiong 2017;

Sha & Xiong 2020), dont les noyaux sont allongés dans le même sens de la fibre et sont positionnés à la périphérie de la cellule, contre la membrane cellulaire appelée sarcolemme. Les fibres musculaires ont un diamètre compris entre 10 et 100 μm , avec une longueur variant de 1 à 5 cm chez certains animaux, comme indiqué dans le **(Tableau 1)**. De même, elles occupent un volume de 75 à 92% du muscle et leur épaisseur peut aller de quelques millimètres à plusieurs centimètres, selon leurs fonctions. Elles s'étendent généralement sur toute la longueur musculaire, avec une disposition parallèle entre les extrémités tendineuses, permettant ainsi l'addition des forces générées par leur contraction. Cependant, leur disposition et leur organisation sont responsables des caractéristiques contractiles du muscle (Lawrence & Fowler 2002).

Chaque fibre musculaire présente un arrangement particulier des filaments d'actine et de myosine dans le cytoplasme appelé « myofibrille ». Cette dernière, possède une structure cylindrique et, est composée d'unités contractiles résultant d'une répétition régulière du sarcomère d'une longueur de 2 à 3 μm , ce qui confère au muscle squelettique son aspect strié, qui représente l'appareil contractile responsable du maintien de l'ensemble de l'unité myofibrillaire. C'est grâce au glissement actif des filaments de myosine sur ceux de l'actine que le sarcomère se raccourcit, provoquant la contraction musculaire (Mukund & Subramaniam 2020).

De plus, le sarcomère est situé entre deux lignes sombres transversales appelées stries Z et est constitué de différentes parties: (1) la bande A, qui représente la région centrale et dense contenant alternativement des filaments minces et épais, traversée par une zone H et constituée uniquement de filaments de myosine, (2) les bandes I (claires), qui bordent la zone A et sont composées principalement de myofilaments d'actine (Luther 2009). En outre, les filaments minces sont attachés à la strie Z dans le sens opposé, tandis que les filaments épais sont ancrés dans une structure au milieu du sarcomère dite la ligne M. De plus, la disposition entre ces deux myofilaments, fait paraître sous microscope une alternance entre deux bandes, une claire et une autre sombre et lorsqu'un muscle se contracte, la longueur du sarcomère diminue suite au raccourcissement de la bande I, par le rapprochement des disques Z **(Figure 6)** (Gault 1992; Frontera & Ochala 2015).

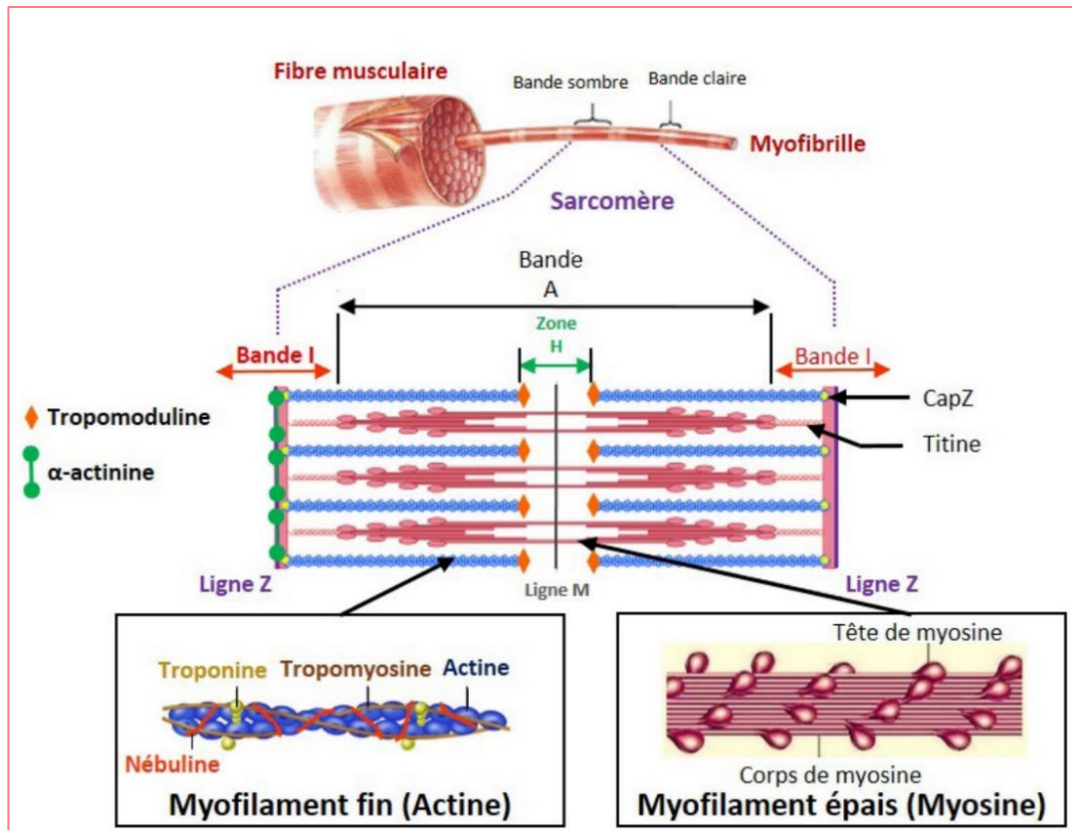


Figure 6. Ultrastructure de la fibre musculaire, du sarcomère, des myofilaments du muscle squelettique (Frontera & Ochala 2015).

Par ailleurs, les fibres musculaires sont constituées de plusieurs types I, IIA, IIB ou IIX (Picard et al. 2003; Spangenburg & Booth 2003; Schiaffino & Reggiani 2011; Picard & Gagaoua 2020b), et leur caractérisation est basée sur leur vitesse de contraction et leur voie métabolique préférée pour la dégradation du glycogène, qui peut être soit oxydative ou bien glycolytique (Stienen et al. 1996). La variation des types de fibres musculaires repose sur l'activité de l'ATPase, qui reflète les activités enzymatiques impliquées dans leurs métabolismes d'une part et leurs caractéristiques contractiles d'autre part (**Tableau 2**).

Tableau 1. Diamètre moyen de la fibre musculaire du muscle *Longissimus Dorsi* de différentes espèces d'animaux de boucherie (Rehfeldt et al. 2004)

| Espèces | Diamètres (µm) |
|----------|----------------|
| Volaille | 20 |
| Caprins | 22 |
| Lapins | 35 |
| Ovins | 25-50 |
| Porcins | 40-80 |
| Bovins | 55-67 |

Tableau 2 : Caractéristiques des fibres musculaires (Picard & Gagaoua 2020b)

| | I | IIA | IIX | IIB |
|---------------------------|-------|-------------|-------|-------|
| Vitesse de contraction | + | +++ | ++++ | +++++ |
| ATPase myofibrillaire | + | +++ | ++++ | +++++ |
| Seuil d'excitation | + | +++ | ++++ | +++++ |
| Durée de travail par jour | +++++ | +++ | +++ | + |
| Résistance à la fatigue | +++++ | ++++ | ++ | + |
| Métabolisme oxydatif | +++++ | ++++, +++++ | +, ++ | + |
| Métabolisme glycolytique | + | ++++ | ++++ | +++++ |
| Phosphocréatine | + | +++++ | +++++ | +++++ |
| Glycogène | + | +++++ | ++++ | +++++ |
| Triglycérides | +++++ | ++ | + | + |
| Phospholipides | +++++ | ++++ | +++ | + |
| Vascularisation | +++++ | ++++ | ++ | + |
| Myoglobine | +++++ | +++ | +, ++ | + |
| Pouvoir tampon | + | ++++ | +++++ | +++++ |
| Épaisseur strie Z | +++++ | +++ | +++ | + |
| Diamètre | ++ | +++ | ++++ | +++++ |

Toutefois, la taille des fibres musculaires varie sous l'influence de certains facteurs intrinsèques à l'animal, tels que l'espèce, la race, le sexe ou l'âge et de quelques facteurs extrinsèques comme, l'exercice ou l'état nutritionnel de l'animal (Vestergaard et al. 2000; Oliván et al. 2004; Picard & Gagaoua 2020b).

En revanche, les protéines du muscle squelettique peuvent être classées en fonction de leur solubilité à différentes concentrations de sel à savoir : les protéines myofibrillaires (50 à 60%), sarcoplasmiques (30%) et les protéines extracellulaires ou du tissu conjonctif (10% à 20%) (Strasburg et al. 2008). Les myofibrilles sont constituées d'un ensemble de protéines myofibrillaires, principalement les protéines contractiles, structurelles et régulatrices (Bekhit et al. 2014a). Elles constituent environ 50 à 56% des protéines musculaires squelettiques totales et sont considérées comme le principal constituant de la protéine de la viande (Asghar et al. 1985; Wang et al. 2022a), et sont responsables du mouvement et de la production de l'énergie mécanique pour la contraction musculaire. De plus, les protéines contractiles d'actine et de myosine forment des filaments fins et épais qui contrôlent la contraction et la relaxation des muscles squelettiques. Quant aux protéines de structure dont le rôle est de maintenir l'intégrité structurale de la cellule, elles comprennent principalement la titine, la nébuline, la α -actinine, la β -actinine, la tropomoduline, la desmine, la filamine, la protéine C, la protéine H et la myoméline. Enfin, d'autres protéines dites régulatrices comprennent la troponine et la tropomyosine (**Figure 7**) (Schiaffino & Reggiani 1996; Bekhit et al. 2014a).

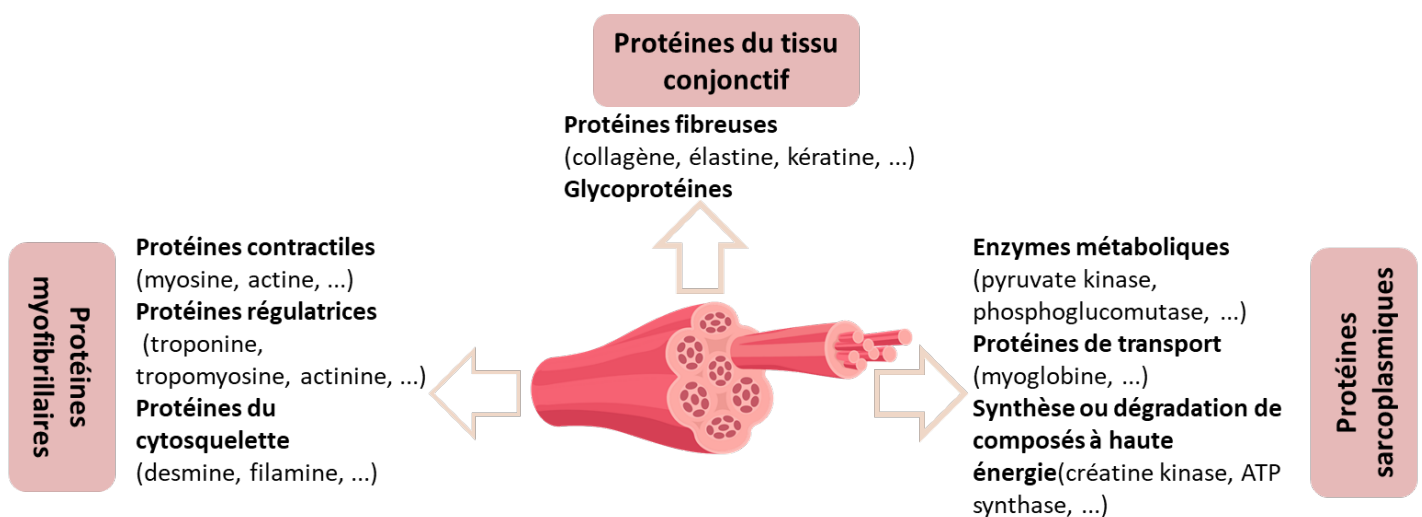


Figure 7. Schéma de classification des protéines musculaires.

II.1.1. Protéines filamenteuses / contractiles

La myosine est la principale protéine filamenteuse de la bande A du sarcomère, possédant un poids moléculaire de 520 kDa, formant les filaments épais des cellules musculaires. La myosine possède une structure quaternaire composée de six sous-unités, comprenant deux chaînes lourdes de myosine (MHC) d'environ 220 kDa, deux chaînes légères (MLC2), avec des masses moléculaires de 20 kDa (Strasburg et al. 2007; Strasburg & Xiong 2017). L'hydrolyse par digestion enzymatique de la molécule de myosine génère deux portions à savoir: la méromyosine légère (LMM) et la méromyosine lourde (HMM) (Pearson & Young 1989; Strasburg et al. 2008; Choi & Kim 2009). La méromyosine légère (LMM) exerce un rôle important dans la construction des filaments épais à partir de molécules de myosine, tandis que la méromyosine lourde (HMM) est responsable de la régulation de l'activité de l'ATPase et de la capacité de liaison à l'actine. Aussi, cette dernière peut être décomposée en deux fragments, le S1 comprenant les têtes des myosines globulaires avec le site de liaison du Mg-adénosine triphosphate (ATP) et de l'actine et le S2 comprenant la région α -hélice qui lie le MLC1 et le MLC2. Enfin, il existe principalement quatre isoformes dans le muscle squelettique adulte des mammifères : la MHC, à savoir MHC I, IIa, IIb, et IIx, qui existent dans les fibres pures lentes de type I et rapides de type IIa, IIb et IIx (Pette & Staron 2000; Kohn et al. 2007; Schiaffino & Reggiani 2011). D'autre part, l'actine est une protéine globulaire d'une masse moléculaire de 42 kDa. Elle est la composante de base des filaments minces et se retrouve sous deux formes, la G-actine qui est l'actine globulaire et la F-actine qui est l'actine filamenteuse. Cette dernière est formée principalement par la polymérisation de la G-Actine en filaments enroulés en double brin et, est liée à la troponine et la tropomyosine (**Figure 8**) (Gault et al. 1992; Strasburg et al. 2008). Pendant la contraction musculaire, l'actine se lie à la myosine pour former des ponts croisés d'actomyosine, qui activent la myosine ATPase et qui entraînent le raccourcissement du sarcomère suite à la traction des filaments minces par la myosine vers la ligne M (Lawrie 2006; Strasburg & Xiong 2017).

II.1.2. Protéines de régulation

Parmi les protéines de régulation du tissu musculaire, la tropomyosine et la troponine sont les deux protéines capitales participant à la régulation de la contraction et de la relaxation musculaire (Zot & Potter 1987; Choi & Kim 2009). Leur rôle est d'empêcher l'activation de l'actomyosine ATPase en l'absence d'ions de calcium (Ca^{2+}), grâce à leurs interactions avec les filaments d'actine, afin de bloquer le site de liaison de la myosine (Gomes et al. 2002). Ainsi, la tropomyosine est une longue protéine enroulée, d'un poids moléculaire de 65 kDa,

comprenant deux sous-unités de polypeptide α -hélice, appelées α - et β -tropomyosine. Les molécules de cette dernière se lient de la tête à la queue au long filament du F-actine et chaque molécule est attachée à un complexe de troponine (80 kDa), constitué de troponine C (18 kDa), troponine I (21 kDa) et troponine T (31 kDa) (**Figure 8**). Chaque type de troponine remplit une fonction différente dans le muscle, ainsi, la troponine C agit comme un site de liaison du calcium (Ca), la troponine T relie le complexe de la troponine à la tropomyosine tandis que, la troponine I inhibe l'activité de l'actomyosine ATPase lorsqu'elle est liée à l'actine (Lehman & Craig 2008). À des concentrations élevées, des ions Ca^{2+} de calcium se lient à la troponine C, ce qui initie un changement de conformation dans le complexe tropomyosine-troponine, en se disloquant de la troponine I, permettant ainsi l'action de l'actomyosine ATPase pour induire la contraction musculaire (Galińska-Rakoczy et al. 2008).

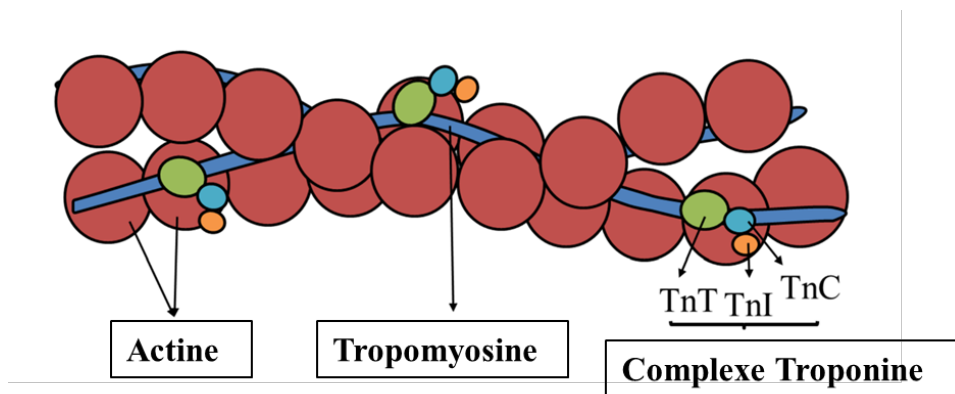


Figure 8. Diagramme schématique d'un filament fin comprenant l'actine, la tropomyosine et Le complexe de troponine T (TnT), troponine I (TnI) et troponine C (TnC)
(Boland et al. 2019)

II.1.3. Protéines sarcoplasmiques

Les protéines sarcoplasmiques sont des protéines intracellulaires, hydrosolubles du sarcoplasme, elles sont impliquées dans diverses fonctions métaboliques comme, le métabolisme des protéines, l'oxydation des acides gras, le stockage d'oxygène (O_2), le transport des électrons (e^-), la glycolyse et la glycogénèse. Elles regroupent l'albumine, la globuline, la myoglobine (Mb) et l'hémoglobine (Hb) (Frontera & Ochala 2015). D'un point de vue qualité de la viande, ces protéines comprennent l'hémine (Mb), les enzymes glycolytiques (phosphate de glycéraldéhyde déshydrogénase), les enzymes oxydatives mitochondriales (comme le succinate déshydrogénase, cytochrome), les enzymes lysosomiques (notamment la cathepsine), les nucléoprotéines et autres. Parmi ces enzymes protéolytiques, il existe des enzymes impliquées

dans le processus d'attendrissement musculaire *post-mortem*. En effet, les protéases sarcoplasmiques ont un rôle vital dans le catabolisme protéique et d'attendrissement musculaire *post-mortem*. Les deux calpaïnes spécialement la calpaïne 1 ou la μ -calpaïne et les cathepsines sont responsables de la protéolyse *post-mortem* (Veiseth & Koochmaraie 2005; Ouali et al. 2006). Néanmoins, la concentration des protéines sarcoplasmiques dépend en grande partie du type de fibres musculaires, qui est dépendant de l'espèce animale, de la race, de l'âge, du génotype, de la position et de la fonction anatomique des muscles (Strasburg et al. 2007; Strasburg & Xiong 2017).

II.1.3.1. Myoglobine

La Mb est un pigment synthétisé dans les mitochondries et constitue la protéine sarcoplasmique la plus importante, puisqu'elle est la molécule fondamentale responsable de la couleur de la viande crue (Kanner 1994). Les autres protéines sarcoplasmiques liées à la couleur de la viande sont, l'Hb et les protéines du cytochrome. Ainsi, environ 100 autres protéines globulaires de faible poids moléculaire variant entre 17 000 Da (Mb) à 92 500 Da (Phosphorylase b), sont présentes dans la fraction sarcoplasmique (Strasburg & Xiong 2017).

II.1.3.2. Calpaïnes

Ce sont des endopeptidases de la famille des cystéines-protéases non lysosomales dont l'activité dépend du Ca (GOLL et al. 2003). Leur appellation provient de la combinaison du Ca et de la papaïne et leur activité est maximale à un pH neutre (Sentandreu et al. 2002). Elles se trouvent et agissent généralement dans le disque Z et assurent la dégradation des protéines myofibrillaires durant la transformation *post-mortem* du muscle en viande (Huang & Forsberg 1998; Goll et al. 2008). De ce fait, deux calpaïnes sont omniprésentes et sont responsables de la protéolyse *post-mortem* et sont constituées des m-calpaïnes et μ -calpaïnes (Veiseth et al. 2001; Strasburg et al. 2008). En revanche, la calpastatine est l'enzyme inhibitrice naturelle de la m-calpaïnes et μ -calpaïnes (Raynaud et al. 2003).

II.1.3.3. Cathepsines

Les cathepsines lysosomiques sont des enzymes enfermées dans les lysosomes, elles participent au maintien de l'homéostasie du métabolisme cellulaire en dégradant le matériel hétérophagique et autophagique (Repnik et al. 2012). Les cathepsines sont pleinement actives à des pH variables en fonction de l'isoforme et sont libérées par le lysosome dans le sarcoplasme du muscle *post-mortem* (Geesink & Veiseth 2008). Dans la famille des cathepsines on trouve, les

cathepsines à cystéine B, H et L et la cathepsine aspartique D, qui sont les plus abondantes dans les muscles. La cathepsine B a une activité optimale à un pH entre 5,5 et 6,5 et, est instable à un pH égal à 7. Elle dégrade la chaîne lourde de la myosine (Ouali et al. 1987), de la troponine T, de la troponine I et de la tropomyosine b (Bechet et al. 2005). La cathepsine H est active à un pH optimal entre 5,5 à 6,5 (Huff-Lonergan 2014). Par contre, la cathepsine L, agit d'une manière optimale à un pH aux alentours de 5, mais reste stable à un pH neutre, conservant environ 30% de son activité maximale (Geesink & Veiseth 2008). De plus, elle hydrolyse la majorité des protéines myofibrillaires à l'exception de la troponine C, de la tropomyosine et du collagène (Matsukura et al. 1981). Quant à la cathepsine D, elle se retrouve à son activité optimale à des pH entre 3 à 5 et, est inactivée à un pH neutre (Bohley & Seglen 1992).

II.1.4. Protéines du tissu conjonctif

Le tissu conjonctif est le tissu le plus répandu dans l'organisme, il est principalement constitué de cellules de fibroblastes et d'adipocytes, séparées les unes des autres par une matrice extracellulaire composée de fibres protéiques de la famille des collagènes et des protéoglycanes, L'élastine et la réticuline sont les autres composantes majeures du tissu conjonctif (Lüllmann-Rauch 2008; Delage 2012).

Sa structure complexe lui confère un rôle crucial dans l'union, le soutien, le transport et la protection des organes. De plus, le tissu conjonctif permet la séparation des fibres musculaires dans le muscle, où il agit comme un bouclier interne et est réparti sur les trois enveloppes principales qui gaignent le muscle de l'intérieur à l'extérieur (endomysium, pérимysium et épимysium). D'autre part, la matrice extracellulaire (MEC), majoritairement composée de fibres de collagène et de protéoglycanes, constitue l'interaction entre l'ensemble de ces molécules, générant un réseau interagissant lui-même avec les fibres musculaires (Lawrie 2006).

II.1.4.1. Collagène

Le collagène est la protéine prédominante du tissu conjonctif, existant dans les muscles squelettiques et synthétisée par des fibroblastes (Duance et al. 1977; Gault 1992). Il existe quatre grandes classes de collagène, en fonction de leurs caractéristiques d'agrégation : fibreuses (types I, II, III, V et XI); non fibreuses et formant un réseau (type IV); microfibrillaires ou filamenteuses (type VI) et enfin le collagène associé aux fibrilles (type VII) (Bailey 1991). De plus, la structure de base du collagène se compose de trois chaînes, alpha de polypeptide avec -Gly-X-Y- unités répétitives, où X et Y, qui représentent respectivement les prolines et l'hydroxyproline. Cette bobine peut créer une structure triple hélice, formant la tropocollagène

d'environ 280 nm de longueur et de 1,4 nm à 1,5 nm de diamètre (Gault 1992; Gelse et al. 2003; Strasburg et al. 2008; Astruc 2014). Ces molécules sont polymérisées en fibres de collagène, par des liaisons croisées intermoléculaires covalentes et forment l'aldéhyde par désamination oxydative de la lysine ou des résidus de l'hydroxylysine. Ensuite, ces liaisons croisées divalentes et réductibles forment une fibre de collagène. En revanche, au fur et à mesure que les fibres de collagène vieillissent, ces liaisons croisées trivalentes, deviennent non réductibles et plus stables par la chaleur, ce qui induit à une stabilité et une résistance mécanique. En effet, le collagène a été lié à la ténacité des aliments à base de muscle et son contenu et l'étendue de la réticulation varient selon l'espèce animale, l'âge, la fonction musculaire, l'exercice et le traitement avec les promoteurs de croissance (Strasburg et al. 2008). Ces données, ont été confirmées par plusieurs auteurs (McCormick 1999; Purslow 2005), signalant ainsi une augmentation de la dureté de la viande avec le vieillissement de l'animal, en raison d'une augmentation de la réticulation du collagène et d'une diminution de la solubilité de ce dernier (Taylor 2004; Roy et al. 2015). Il a également été constaté que les coupes de la viande tendre du muscle *longissimus* (faux-filet) bovin, contiennent seulement entre la moitié à deux tiers de la teneur totale en collagène et en liaisons hydroxylysylpyridinoline cross-links, comparées à celles trouvées dans la viande dure du muscle *Biceps femoris* (cuisse de derrière) (McCormick 1999). De même, plusieurs études ont été réalisées pour améliorer la qualité de la solubilité partielle du collagène dans les coupes de viande dures du muscle *Semitendinosus* (Combes et al. 2004; Sullivan & Calkins 2010; Christensen et al. 2011a; Christensen et al. 2011b).

II.1.4.2 Elastine

L'élastine est un composant mineur du tissu conjonctif, qui confère une élasticité aux vaisseaux sanguins et aux ligaments dans les muscles, mais pourrait également contribuer à la dureté de la viande (Debelle & Alix 1999). Il s'agit d'une fibre protéique insoluble, hydrophobe, thermostable et réticulée, qui devient très élastique en présence de l'eau (H₂O). Aussi, elle est caractérisée par la liaison de deux acides aminés, à savoir la desmosine et l'isodesmosine, qui sont responsables de sa caractéristique extrêmement insoluble (Lawrie 2006; López-Bote 2017). Ces deux acides aminés sont formés par la condensation des produits intermédiaires de la désamination oxydative des chaînes latérales de la lysine (Anwar 1990).

II.1.5. Protéines de structure

Elles comprennent la titine, la nébuline, la α -actinine, la β -actinine, la tropomoduline, la desmine, la filamine, la protéine C, la protéine H et la myoméline (**Tableau 3**) (Obinata et al. 1981).

Tableau 3. Les protéines de structures trouvées dans les myofibrilles.

| Protéines de structure | Description | Références |
|---|--|---|
| Tintine/Connectine (PM: 4200 kDa) | - Ancrage du disque Z à la ligne TM. - Confère de l'élasticité au sarcomère | (Labeit & Kolmerer 1995; Tskhovrebova & Trinick 2003) |
| Nébuline (PM: 800 kDa). | - Fixée au disque Z et s'étend jusqu'à l'extrémité des filaments minces. - Règle la longueur des filaments fins. | (Strasburg et al. 2008) |
| α -Actinine (PM : 95kDa) | - Constituant majeur du disque Z, qui attache l'actine au disque Z. - Interagit avec l'actine et la titine qui renforcent le disque Z. | (Obinata <i>et al.</i> 1981; Strasburg <i>et al.</i> 2008) |
| β -actinine/ protéine CapZ Sous-unité α (PM : 37/36kDa) Sous-unité β (PM : 34/32kDa) | - Lie l'actinine α , au disque Z - Empêche la formation de réseau entre les filaments d'actine | (Obinata et al. 1981; Strasburg et al. 2008) |
| Tropomoduline (PM: de 40 kDa) | - Lie la tropomyosine et l'actine - Contrôle la longueur des filaments fins | (Clark et al. 2002) |
| Desmine (PM : 55kDa) et la filamine (PM :300kDa) | - Est localisée à la limite du disque Z - Relie le disque Z au sarcolemme et stabilise la structure musculaire | (Capetanaki et al. 1997; van der Ven et al. 2000) |
| Protéine C (PM : 140 kDa) et la protéine H (PM : 58 kDa) | - Protéines liant la myosine présente dans la bande A des filaments épais - Contribue à l'alignement et à la stabilisation des filaments épais - Inhibe l'allongement des filaments de la titine dans la bande A | (Koretz et al. 1993; Xiong 1997) |
| Myoméline (PM: 185 kDa) | - Principale protéine de la ligne M - Responsable de la liaison entre la titine et la myosine | (Strasburg et al. 2008) |

II.2.1. Changements *post-mortem* du muscle

Contrairement aux idées reçues, la chair des animaux vivants ne devient pas immédiatement de la viande après l'abattage, mais elle résulte de la conversion *post-mortem* du muscle. Un processus qui consiste en de nombreuses modifications plus ou moins longues et qui assurent la transformation du muscle en viande (Sayas-Barbera et al. 2010). Effectivement, la viande provient du muscle squelettique ayant subi une série de transformations structurales, métaboliques et physiologiques (Lawrie 2006; England et al. 2017). Ces réactions surviennent directement après l'abattage des animaux (Strasburg et al. 2008). Ainsi, après la mort de l'animal,

plusieurs processus biochimiques et métaboliques provoqués par l'organisme essayent de rétablir le contrôle homéostatique et le muscle devient le siège de nombreuses transformations (Ouali et al. 2006; England et al. 2013; Warner 2016). Les systèmes circulatoire, nerveux et hormonal, commencent à s'arrêter progressivement (Honikel 2014) et le muscle de l'animal subit plusieurs processus biochimiques et physiques, appelés le processus de conversion du muscle. A ce stade, le muscle perd toutes ses fonctionnalités et devient viande. Ces processus sont constitués de la glycolyse *post-mortem* et de la protéolyse, qui conditionnent largement les qualités finales de la viande (Ouali et al. 2006).

Les ressources énergétiques qui participent au fonctionnement du muscle sont épuisées progressivement, suite à l'arrêt du flux sanguin et à la chute brutale de l'apport en O₂ et en nutriments après l'abattage de l'animale. Les tissus entrent ensuite dans un état ischémique anoxique (Ouali et al. 2006), qui affectera toutes les voies biochimiques des cellules musculaires. Le premier objectif de la cellule se trouvant sous cet état est d'augmenter ses capacités de produire l'énergie nécessaire pour le métabolisme et se trouve donc dans l'obligation d'utiliser les réserves de glycogène pour synthétiser de l'ATP à partir du glucose, afin de maintenir sa température et son intégrité structurelle, entraînant une modification du métabolisme aérobie en anaérobie (Greaser 1986; Lana & Zolla 2015). Au fur et à mesure que les taux d'ATP diminuent, du phosphate inorganique est généré, ce qui stimule la dégradation du glucose en pyruvate. De ce fait, le processus de transformation du muscle en viande, peut être organisé en trois phases différentes, la phase de *pré-rigor* ou la phase de pantelance au cours de laquelle le muscle reste excitable, la phase de rigidité cadavérique ou phase de *rigor-mortis*, qui est caractérisée par un épuisement des réserves énergétiques (ATP, phosphocréatine, glucose) et enfin la phase de maturation ou la phase de l'attendrissement de la viande (**Figure 9**) (Sentandreu et al. 2002; Bhat et al. 2018).

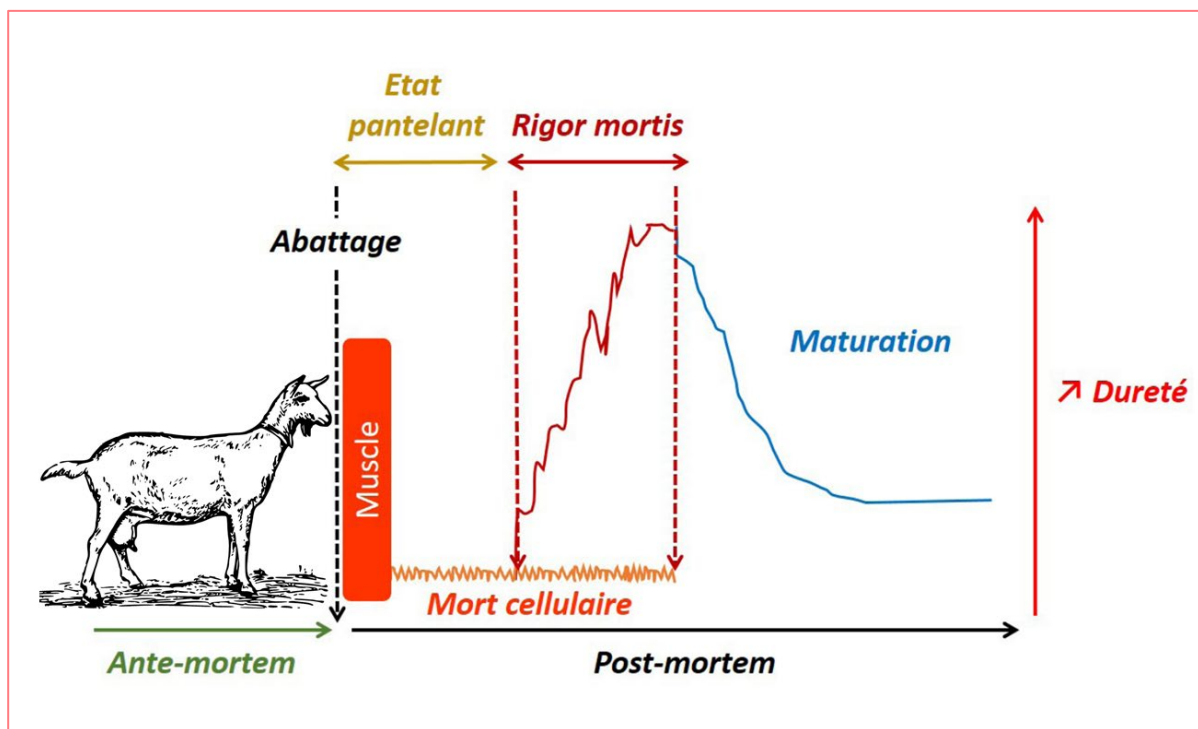


Figure 9. Les différentes étapes décrivant le passage du muscle en viande schéma adapté de (Ouali et al. 2006) la dureté de base liée au collagène.

II.2.1.1. Phase de pantelante/ Phase pré *rigor-mortis*

Cette phase débute immédiatement après l'abattage. Les cellules musculaires entrent directement dans un état ischémique anoxique, suite à l'épuisement des ressources énergétiques, des nutriments et de l'oxygène. Dans une phase de mort cellulaire programmée (MCP) ou apoptose, un concept a été développé par Ouali et al. (2006), et se caractérise par un état contractif et sensible du muscle, se traduisant par une persistance des contractions musculaires pendant une vingtaine de minutes. Durant cette phase, le système nerveux continue à fonctionner alors que la circulation sanguine générale s'arrête. Néanmoins, cette phase s'accompagne d'une succession de contractions et de relaxations musculaires, ce qui conduit à un épuisement des réserves énergétiques (glycogène), puis à la mise en place de la glycolyse anaérobie (Ouali 1991). Dans la respiration anaérobie, le glycogène est transformé en acide lactique, affectant d'une manière significative les charges de protéines dues à des changements de pH, qui aura un effet direct sur la capacité de rétention d'eau (CRE) et sur les propriétés finales de la viande (Henckel et al. 2002). En outre, les fibres musculaires sont gonflées puisque l'eau est encore fortement liée aux protéines et le pouvoir de rétention d'eau (PRE) évolue juste après la mort de l'animal puis diminue en même temps que le pH. Ainsi, au fur et à mesure de la décomposition du glycogène et de la synthèse de l'acide lactique, le pH du muscle baisse

progressivement. Le muscle pantelant est également appelé la viande chaude et, est caractérisé par des masses musculaires élastiques, molles et relâchées (Fjelkner-Modig & Rudéus 1983; Ouali et al. 2006).

II.2.1.2. Phase de rigidité cadavérique

L'installation de la rigidité cadavérique ou le *rigor-mortis*, est la première phase transitoire qui initie la transformation du muscle en viande. Le changement physique est directement perceptible sur la carcasse et le muscle devient progressivement raide et inextensible dans les heures qui suivent la mort de l'animal, cela est due à la baisse de la température de la carcasse. La phase de *rigor-mortis* comme celle qui la précède (*pré-rigor*), s'installe progressivement et selon un ordre précis, en commençant par la tête jusqu'au cou et en s'étendant aux membres antérieurs puis aux membres postérieurs et enfin à la région dorsale (Braden 2013; Guérin 2016).

D'un point de vue biochimique, l'absence d'apport en nutriments et en O₂, entraîne une altération de l'équilibre osmotique dans les cellules du tissu musculaire, le système enzymatique ne peut plus fonctionner et la synthèse d'ATP par cette voie devient impossible. Ceci provoque une libération du phosphore inorganique qui stimule la conversion du glycogène en acide lactique provoquant une baisse du pH allant de 7,2 à 5,3 ; causant ainsi une acidification musculaire qui entraîne, une perte de la CRE, une libération du Ca et une perte d'élasticité, résultant de la contraction irréversible des têtes de myosine sur le filament d'actine (Paredi et al. 2012; Honikel 2014). Effectivement, suite à l'épuisement des réserves énergétiques et de l'ATP, qui confère au muscle vivant l'énergie nécessaire à la contraction musculaire et pour la dissociation des molécules d'actine et de myosine. Cette contraction sera irréversible et le muscle restera contracté et perdra de plus en plus son élasticité. Une fois que les muscles sont complètement inextensibles, la *rigor-mortis* atteint son terme : installation de la rigidité cadavérique (Braden 2013; Warner 2016). D'autre part, le développement de la rigidité cadavérique est influencé par de nombreux facteurs, tels que les espèces animales, le type de muscles, la température musculaire et les réserves de glycogène du muscle au moment de l'abattage. La température est un autre facteur influençant le développement de la rigidité et de la glycolyse. Par conséquent, la diminution du pH est plus lente lorsque la température de la viande est réduite et les processus biochimiques s'arrêtent complètement lorsque celle-ci est congelée (Sayas-Barbera et al. 2010).

II.2.1.3. Phase de maturation

La maturation est la dernière phase de transformation du muscle en viande, elle suit la phase de *rigor-mortis* (Harper 1999; Legrand et al. 2021), et joue un grand rôle dans l'amélioration de la tendreté de la viande (Harper 1999; Lonergan et al. 2010), considérée comme étant le critère le plus important et le plus recherché par le consommateur (Huffman et al. 1996; Miller et al. 2001; Legrand et al. 2013; Bonny et al. 2017). D'un point de vue modification physique, il s'agit du passage progressif de la carcasse, de la rigidité vers la tendreté, ce qui permet à cette dernière de se relâcher pour devenir une viande tendre, suite à l'intervention de plusieurs systèmes enzymatiques endogènes (Weaver et al. 2009; Kaur et al. 2020). Ainsi, pendant le processus de maturation de la viande, quelques propriétés organoleptiques, comme la texture, la couleur ou la jutosité sont modifiées. En effet, la résolution de la rigidité cadavérique est un processus purement chimique résultant de la dégradation de la structure musculaire par hydrolyse des protéines myofibrillaires, principalement les protéines associées aux stries Z du sarcomère, par des systèmes enzymatiques protéolytiques endogènes (Koochmaraie & Geesink 2006; Listrat et al. 2016; Kim et al. 2018). En outre, quelques protéines de la strie Z du muscle en *post-mortem* dont la nébuline, la tétine et la troponine sont hydrolysées (Koochmaraie 1994; Wheeler & Koochmaraie 1994; Huff-Lonergan et al. 1995). Tandis que, les protéines contractiles telles que la myosine et l'actine ne sont pas touchées (Huff-Lonergan et al. 1996). Cette protéolyse *post-mortem* implique plusieurs systèmes protéolytiques (Weaver et al. 2009; Huff Lonergan et al. 2010), initiés par la dépolarisation du réticulum sarcoplasmique et suivis par la libération des ions Ca^{2+} du réticulum sarcoplasmique qui se dépolarisent et de la mitochondrie qui activeront les enzymes calpaïnes (μ -calpaïne et m-calpaïne), surtout à un pH égale à 6 et où la glycolyse n'est pas encore achevée (Gault 1992). Toutefois, la plupart des études ont porté sur l'analyse et la contribution relative de plusieurs systèmes protéolytiques cellulaires, qui ont permis de caractériser le rôle prenant de la protéolyse dans la résolution de la *rigor-mortis* par des changements majeurs dans la structure protéique et le développement de la tendreté de la viande (Paredi et al. 2012).

II.2.1.4. Mort cellulaire/apoptose

L'apoptose ou processus de mort cellulaire programmée (MCP), n'a pas fait l'objet de recherches dans le domaine de la viande jusqu'à ce que Ouali et al. (2006), proposent la mort cellulaire comme l'un des premiers événements déclenchés lors de la transformation du muscle en viande. Après l'abattage, même si l'animal tente de préserver les fonctions cellulaires grâce à l'augmentation des HSPs et une fois que l'énergie est épuisée, le début du processus de la

mort cellulaire est enclenché. De ce fait, la MCP est un mécanisme physiologique naturellement présent dans les organismes vivants, qui éliminent les cellules potentiellement dangereuses d'un organisme sans endommager les cellules environnantes (Fidziańska et al. 1991).

Les principaux responsables de l'apparition de la MCP sont un groupe d'enzymes appelées caspases. Les caspases apoptotiques peuvent être classées selon leur point d'entrée lors de la MCP comme : (i) initiateur de caspases (caspases 8, 9, 10 et 12) et (ii) caspases (caspases 3, 6 et 7). La voie extrinsèque (stimuli externe), déclenche l'apoptose par l'activation de récepteurs extracellulaires qui activent l'initiateur caspase 8. Pendant ce temps, la voie intrinsèque est activée par des stimuli internes (stress métabolique et/ou hypoxique), conduisant à la perméabilité de la membrane mitochondriale qui favorise la libération du cytochrome C et la formation de la caspase 9 complexe apoptosome (Boatright & Salvesen 2003; Grilo & Mantalaris 2019), activant l'exécuteur caspases 3 et 7, qui procédera à la destruction des cellules (**Figure 10**) (Taylor et al. 2008).

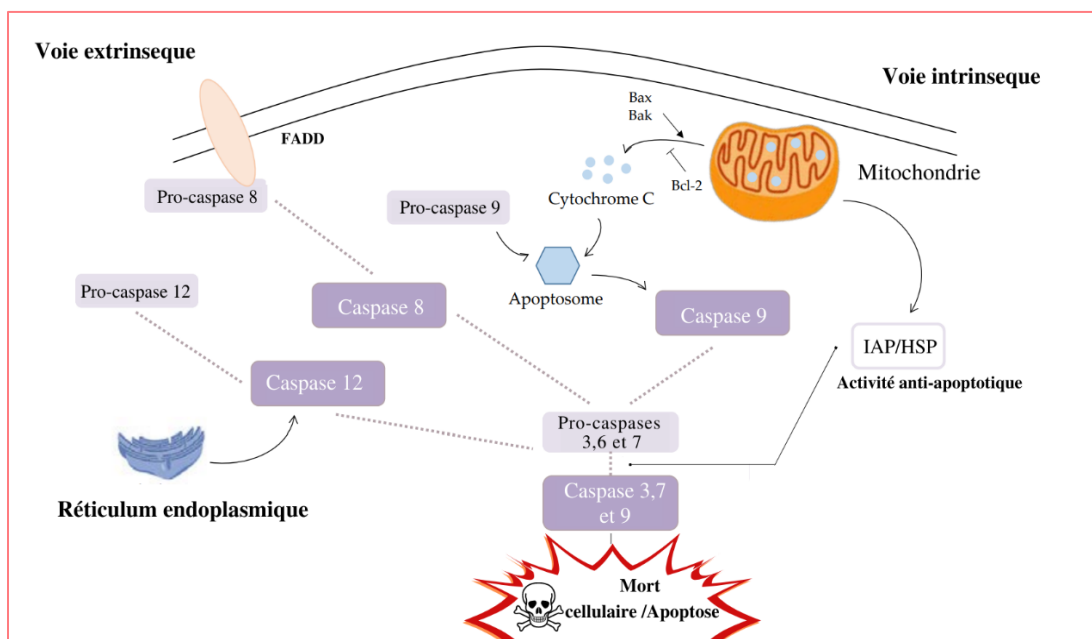
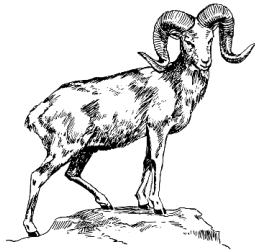


Figure 10. Schéma des voies d'apoptose déclenchées par l'action des caspases, adapté de (Ouali et al. 2006).



*Chapitre III : Qualité de la viande et
facteurs de variations*

Chapitre III

III.1. Paramètres déterminants de la qualité de la viande

La qualité est un terme complexe qui représente l'aptitude d'un produit à répondre et à satisfaire aux exigences et aux attentes du consommateur (Cassignol 2018). D'autre part, la qualité de la viande est définie par les caractéristiques perçues par les consommateurs lors de l'achat, telles que la couleur, la forme et le persillé. Cependant, ce n'est qu'après sa consommation que la satisfaction globale d'un produit est déterminée (flaveur et texture) (Touraille 1994; Renand et al. 2001). L'amélioration de la qualité de la viande est depuis longtemps l'objectif principal de tous les acteurs impliqués dans la filière de la viande. Ils s'efforcent de produire une viande de haute qualité qui répond aux attentes des consommateurs (Ellies-Oury et al. 2016). Par ailleurs, la production constante de viandes de haute qualité nécessite une bonne compréhension et une maîtrise des facteurs ayant un impact sur leur développement. En prenant exemple de la chèvre d'une façon générale, les carcasses ont plus de 60% de viande maigre et entre 5% à 14% de graisses (Hogg et al. 1992; Hafid & Toufik 2015). De même, il est connu que la graisse sous-cutanée est peu développée chez les caprins, se produisant à un stade ultérieur par rapport aux autres animaux d'élevage. D'ailleurs, certaines races de caprins peuvent ne pas atteindre des niveaux de graisses sous-cutanées appréciables (Mahgoub & Lu 1998; Simela et al. 2008, 2011). En outre, au cours des dernières années, les consommateurs ont tendance à vouloir consommer des viandes et des produits carnés nutritifs à base de viandes maigres. De ce fait, la faible teneur en gras, des carcasses caprines peut être utilisée comme une stratégie de commercialisation, afin de promouvoir cette viande. Toutefois, la mince couche de graisse sous-cutanée de ces carcasses caprines, peut avoir des effets négatifs sur la qualité de la viande. Les chercheurs ont constaté que les petites carcasses et la mince couche de graisse sous-cutanée, permettent la dissipation de la chaleur en début de *post-mortem* et la prédisposition des carcasses au raccourcissement à froid (contracture au froid ou en anglais *cold-shortening*) et au renforcement musculaire qui le succède (Smith et al. 1978; Webb et al. 2005; Santos et al. 2008; Mushi et al. 2009; Kadim & Mahgoub 2012). Une autre conséquence de la mince couche de graisse sous-cutanée réside dans la sensibilité des carcasses des caprins à une perte d'humidité élevée qui varie entre 2,3 à 3%, pendant le refroidissement (Webb et al. 2005).

Ainsi, les aspects de la qualité de la viande peuvent être divisés en quatre catégories : aspects sensoriels ou organoleptiques, technologiques, nutritionnels et hygiéniques. Quant à l'aspect sensoriel de la viande, il comprend : la couleur, la texture, la jutosité, la saveur et

l'odeur, alors que la qualité technologique implique des paramètres tels que le pH et la capacité de rétention d'eau (CRE).

III.1.1. Tendreté

Bien que l'apparence visuelle soit déterminante au moment de l'achat (Maltin et al. 2003; Nonneman et al. 2013; Font-i-Furnols & Guerrero 2014), la tendreté est un caractère très apprécié par le consommateur (Bekhit et al. 2014b). Néanmoins, la variabilité de la texture est identifiée comme un problème majeur dans l'industrie de la viande (Sentandreu et al. 2002). Les enzymes protéolytiques endogènes jouent un rôle déterminant dans le processus de l'attendrissement du muscle en *post-mortem*, agissant en grande partie sur les protéines structurelles du muscle squelettique, par le biais du système des calpaïnes, des cathepsines lysosomiques et des caspases (Koochmaraie & Geesink 2006; Ouali et al. 2006; Kemp et al. 2010). Parmi les facteurs qui influencent ce caractère, la viande dure et celle des animaux âgés. Elle est due au croisement des fibres de collagène qui se produit dans les muscles au fur et à mesure que l'animal se développe. Ainsi, plus la teneur en graisse intramusculaire est élevée, plus la tendreté est grande, ce qui pourrait être influencé par l'alimentation ingérée par l'animal. Cependant, il existe d'autres facteurs qui peuvent influencer la tendreté comme, la race, l'âge et le temps de maturation de la viande. D'autre part, des études antérieures ont indiqué que la viande de chèvre est moins tendre que la viande ovine et cela peut dépendre de la teneur en collagène et de sa solubilité, ainsi que du raccourcissement du sarcomère au cours du développement de la *rigor-mortis* et/ou de la dégradation des protéines myofibrillaires en *post-mortem* (Schönfeldt et al. 1993; Koochmaraie & Geesink 2006). Néanmoins, nos connaissances sont limitées vu le manque d'études sur les mécanismes sous-jacents de la qualité de la viande de chèvre par des approches -omiques, comme la protéomique.

III.1.2. Couleur

La couleur est le premier caractère organoleptique perçu par le consommateur et c'est l'un des paramètres les plus importants qui permettent l'évaluation sensorielle de la qualité de la viande (Ellies-Oury et al. 2016; García et al. 2019). En effet, elle peut influencer le consommateur sur l'acceptation du produit et motiver son choix d'achat (Mancini & Hunt 2005; Cassagnol 2018). Ceci est principalement dû au fait que les consommateurs associent la fraîcheur de la viande à la couleur, ce qui fait que les viandes de couleur rouge vif sont les plus recherchées, contrairement aux viandes brunes (Ellies-Oury et al. 2016; Marín-Garzón et al. 2021). La Mb est une protéine soluble dans l'eau qui stocke et transporte l'O₂ dans le muscle pour le métabolisme aérobie. Elle se compose d'une portion protéique et d'une autre, non protéique avec un atome

de fer (Fe) central, qui a un rôle important dans la détermination de la couleur de la viande. Ainsi, les facteurs qui déterminent la couleur de la viande sont l'état chimique de l'atome de Fe et la nature de la 6^{ème} liaison de la Mb.

D'autre part, les muscles diffèrent selon leur activité et leur demande en O₂, ce qui fait que la couleur de la viande, soit dépendante de la structure et du type musculaire, ainsi que de l'état redox des pigments héminiques, particulièrement de leur état chimique et de leur teneur en Mb. En plus, la teneur de la Mb dans le muscle dépend de divers facteurs tels que l'espèce, la race, l'âge, le muscle et le type d'alimentation (Gagaoua et al. 2015b). Elle représente environ 90% du pigment total de la viande, tandis que, son état d'oxydation dépend des processus *post-mortem*, qui sont affectés d'une manière significative par la diminution de la température et du pH, en plus des conditions de stockage et de commercialisation. Aussi, selon l'état d'oxydation de l'atome du Fe du groupe hème, on peut différencier trois formes distinctes du pigment, qui donnent une teinte différente à la viande lors de sa vente au détail (Seideman et al. 1984; Mancini & Hunt 2005; Suman & Joseph 2013).

A l'état frais, la Mb peut se trouver dans trois états chimiques différents, qui dépendent de la phase d'oxydation de l'atome du Fe et des atomes qui se lient à ses liaisons libres (Livingston & Brown 1981). L'oxydation de l'atome du Fe du groupe hème peut fournir trois autres formes qui donnent une teinte différente à la viande (**Figure 11**) (Yu et al. 2017), A savoir: **La désoxymyoglobine (Mb)** : Représentant le pigment violacé profond (rouge pourpre), associé à la viande fraîchement coupée (Boles & Pegg 2010).

L'oxymyoglobine (MbO₂) : Lorsque la viande entre en contact avec l'O₂ atmosphérique, la Mb oxygénée est transformée en MbO₂, l'O₂ se lie à l'atome du Fe dans son état ferreux (Fe²⁺). L'MbO₂ confère au muscle une couleur rouge vif, brillante, attractive et souvent associée à une viande fraîche et salubre par les consommateurs non avérés. La stabilité de cette couleur rouge vif exige de bonnes conditions d'entreposage. Aussi, la pression partielle en O₂ (ppO₂) doit être hors valeurs critiques pour la formation de l'MbO₂ stable (Renerre 2000).

La méthyoglobine (MetMb) : Lors de mauvaises conditions *post-mortem*, la Mb et l'MbO₂ s'oxydent (perte d'un e⁻) pour se transformer en MetMb (pigment brun). Lorsque le Fe ferreux (Fe²⁺) passe à l'état ferrique (Fe³⁺), la viande apparaît brune et cette couleur déplaît généralement aux consommateurs puisqu'elle est associée à une perte de qualité (Bekhit & Faustman 2005; Mancini & Hunt 2005).

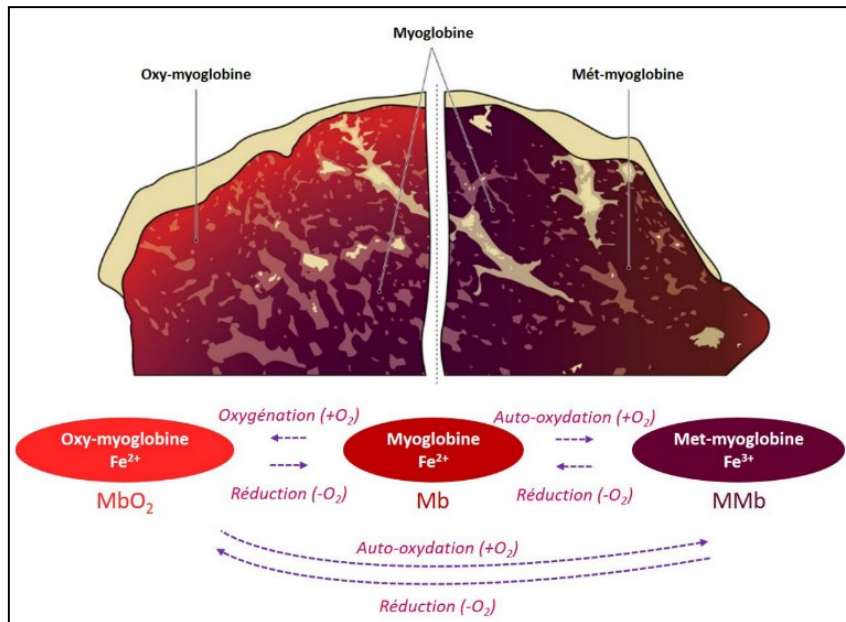


Figure 11. Les différents pigments de myoglobines qui se forment dans les viandes fraîches par oxygénation ou oxydation du fer hémique (Mancini & Hunt 2005; Suman & Joseph 2013)

Ces pigments de Mb, d'MbO₂ et de MetMb, peuvent changer de l'un vers l'autre et cela en fonction des conditions dans lesquelles la viande est entreposée. En revanche, après la cuisson, la Mb du muscle est dénaturée pour former un pigment appelé : Ferrohémochrome (Boles & Pegg 2010).

En outre, la technique d'évaluation de la couleur de la viande est basée sur l'appréciation visuelle par des experts mais reste peu performante. Elle peut se faire instrumentalement par un colorimètre ou un spectrophotomètre (Kerry & Ledward 2009). Ainsi, le système d'évaluation international CIE (**Figure 12**), utilisant le principe de décomposition de la couleur par trois indicateurs L*a*b* du système CIE Lab où le (L*) correspond à luminosité, (a*) à l'indice du rouge, et (b*) à l'indice du jaune. L'indice de saturation (C*) est calculé par les deux indices a*et b*($C^* = \sqrt{a^{*2} + b^{*2}}$). Il permet également de calculer l'angle de la teinte $h^\circ(\arctan) = b^*/a^*$, qui est le paramètre colorimétrique le mieux corrélé avec l'intensité de la couleur rouge estimée par un jury (Hernández et al. 2016; Salueña et al. 2019). Quant à la valeur L*, elle constitue un indicateur utile de la viande DFD, tandis que la valeur a* est utile pour évaluer l'étendue de la décoloration de la viande due à l'oxydation de la myoglobine (Mancini & Hunt 2005).

Malgré l'importance de ces pigments dans la détermination de la couleur de la viande, il existe très peu d'études portant sur la quantification des pigments de myoglobine de surface pour l'appréciation de la couleur de la viande caprine. Kannan et al. (2001) ont étudié les

changements de la couleur de la viande caprine pendant l'entreposage réfrigéré, et il a été constaté que cette dernière a atteint des niveaux maximums de MetMb formée pendant les 4 à 8 jours de stockage (Kannan et al. 2001). Dans la même optique, l'étude réalisée par Kadim et al. (2004), a permis de constater que la maturation de la viande de chèvre pendant une durée de 4 à 6 jours, pourrait avoir une influence négative sur la couleur de la viande, sachant que cette dernière est relativement sensible à l'oxydation des lipides et de la Mb (Kannan et al. 2014).

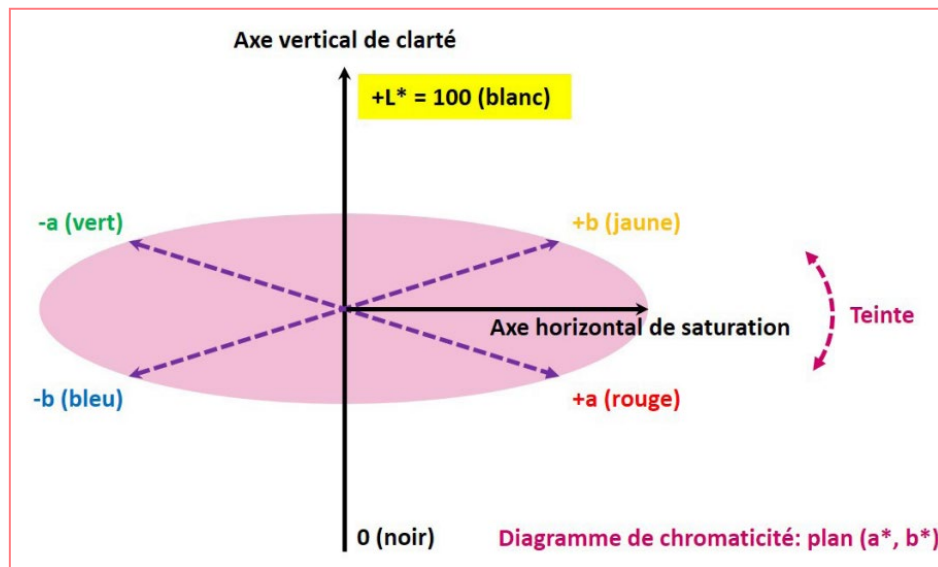


Figure 12. Le système CIE L*a*b*, Commission Internationale de l'Eclairage (Saláková 2012)

III.1.3. Jutosité

La jutosité de la viande joue un rôle très important dans l'appréciation gustative du consommateur lors de la mastication (Warner 2023). Cela dépend essentiellement de facteurs dont, l'eau retenue au niveau des myofibrilles et les lipides intramusculaires qui stimulent la salivation et la libération de l'eau lors de la mastication (Ertbjerg & Puolanne 2017). La rétention d'eau dans la viande cuite dépend du pH et des conditions de cuisson. Les viandes à pH élevé peuvent avoir une meilleure rétention d'eau, donc une jutosité importante contrairement aux viandes à pH bas, qui perdent leur eau rapidement et deviennent sèches, ce qui limite leur acceptation par le consommateur (Touraille 1994).

III.1.4. Flaveur

La flaveur est une propriété organoleptique complexe qui implique la combinaison des deux appareils, olfactif et gustatif (Kerth & Miller 2015). Chez les ruminants la flaveur est un facteur sensoriel important (Shahidi 1994), qui se répercute principalement sur les caractéristiques organoleptiques de la viande et donc de son appétence et de son acceptabilité

par le consommateur (Arshad et al. 2018). Cette perception sensorielle n'est perçue que lorsque l'aliment est dans la cavité buccale (Delwiche 2004). En outre, la viande à son état cru ne contient que peu d'arômes (Van Ba et al. 2012), et ce n'est qu'à la cuisson que ces derniers se développent soit à l'oxydation des lipides et à la réaction de Maillard (Van Boekel 2006), ou bien à la réaction de brunissement non enzymatique, qui joue un rôle important dans la génération des composés aromatiques volatiles responsables de la flaveur des viandes. En plus, lors de la cuisson il y a formation de liaisons entre les acides aminés libres et les groupements carbonyles, qui forment par la suite les dérivés carbonyles, conférant ainsi la flaveur à la viande (Jousse et al. 2002; Elmore & Mottram 2009). D'autre part, l'oxydation des lipides et des acides gras, joue un rôle important dans la production directe et indirecte des composés aromatiques de la viande dont certains d'entre eux contribuent à la flaveur caractéristique de la viande cuite, néanmoins cette oxydation peut induire au développement d'une odeur rance lors d'une cuisson lente à température basse ainsi que la conservation prolongée, considérée comme désagréable (Shahidi 1998; Campo et al. 2006; Polati et al. 2012). En revanche, cette flaveur est fortement impactée par plusieurs facteurs comme, le type de fibres musculaires constitués de fibres rouges lentes, les facteurs de pré-abattage et de *post-mortem*, la race de l'animale, le sexe, l'alimentation, la maturation, les conditions de cuisson et l'âge (Touraille 1994).

III.1.5. Capacité de rétention d'eau (CRE)

L'eau représente la plus grande composante du muscle constituant environ 75 % du poids total du muscle animal. En effet, la teneur moyenne en humidité dans les tissus maigres est d'environ 75% de leur poids total, dont 80-85% est localisée dans la matrice protéique (Huff-Lonergan & Lonergan 2005; Tornberg 2005). Elle joue un rôle majeur dans la détermination des propriétés sensorielle et fonctionnelle de la viande (Apple & Yancey 2013). Par conséquent, la capacité de la viande à retenir l'eau est d'une importance capitale pour les consommateurs et en particulier pour l'industrie de la viande (Jennen et al. 2007; Apple & Yancey 2013).

En général, la CRE est définie comme la capacité de la viande fraîche à retenir son eau lors de l'application de forces externes comme, la gravité, la découpe, le chauffage, le hachage ou la pression (Zhang et al. 2006; Lund et al. 2011). Sa distribution et sa mobilité dans la structure musculaire, influencent les caractères de la qualité de la viande, notamment, la jutosité, la tendreté et la couleur (Trout 1988; Huff-Lonergan & Lonergan 2005; Pearce et al. 2011). Dans le muscle, l'eau se trouve principalement retenue dans les cellules musculaires par force capillaire entre les filaments fins et épais des myofibrilles, le reste se trouve dans l'espace extracellulaire et entre les faisceaux musculaires et le sarcolemme (Offer & Cousins 1992; Warriss 2000).

Des auteurs ont montré que la capacité de rétention d'eau des protéines myofibrillaires des cellules musculaires est impactée par divers facteurs telles que la baisse du pH en *post-mortem*, l'oxydation des protéines et les force ioniques (Huff-Lonergan and Lonergan (2005). Ces mêmes facteurs affectent également la protéolyse des protéines cytosquelettiques dans le muscle en *post-mortem*.

En outre, cette eau se retrouve dans le muscle squelettique sous trois formes avec, environ 5% liées, 85% immobilisées et 10% libres. Ces différentes formes se distinguent par leur emplacement dans le muscle et leur mécanisme de liaison (England et al. 2018). Effectivement, l'eau liée se réfère aux molécules d'eau qui sont étroitement liées aux protéines musculaires par des interactions ion-dipôle (Pearce et al. 2011). En plus, l'eau piégée dans la structure myofibrillaire, plus précisément, à l'intérieur des filaments épais et entre les filaments épais et minces représente l'eau immobilisée. Cette dernière est la plus affectée par l'ensemble des changements physiques et biochimiques survenant lors de la conversion du muscle en viande (Honikel et al. 1986; Huff-Lonergan & Lonergan 2005). Enfin, l'eau libre est retenue dans les espaces extracellulaires du muscle squelettique par de faibles forces capillaires et peut être retirée du muscle sans entrave (Huff-Lonergan & Lonergan 2005; Hughes et al. 2014).

Ainsi, tenant compte des différents mécanismes par lesquels l'eau est retenue dans la structure musculaire. Hamm (1986) a proposé quatre façons objectives de mesurer la CRE :

Pertes au goutte à goutte (Drip-loss) : déterminées par la formation d'un exsudat sur la surface de la viande sans application de forces extérieures. Elles sont définies par la différence entre le poids initial et le poids final de la viande, exposée à la force de la gravité et l'eau perdue provient principalement de l'espace extracellulaire.

Pertes par décongélation (thawing-loss) : Elles produisent un exsudat sur la surface des viandes après congélation et décongélation.

Pertes par cuisson (cooking-loss) : pour les fluides libérés après le chauffage de la viande dans des conditions contrôlées. Il existe différentes méthodes pour leur mesure et dépendent principalement de la température et du temps de cuisson. Le liquide libéré provient des espaces intra et extracellulaires des cellules musculaires.

Jus expressif (expressible juice) : Il fait référence à la quantité d'eau libérée des viandes et résulte de l'application des forces mécaniques externes telles que la compression, la centrifugation ou la succion. La force appliquée provoque la libération du fluide à partir des espaces intra et extracellulaires du muscle.

III.1.6. Potentiel hydrogène (pH)

C'est un critère chimique dont l'évolution en *post-mortem*, influence les processus de maturation de la viande et la qualité technologique et organoleptique finale. Ce paramètre a une grande influence sur la texture finale de la viande, ainsi que sur la capacité de rétention d'eau, la couleur et la résistance au développement microbien. De ce fait, la détermination de la valeur du pH dans la viande est effectuée par l'utilisation d'électrodes, généralement pénétrantes (Tarczyński et al. 2018), et les mesures sont effectuées en introduisant ces dernières perpendiculairement dans le muscle, en évitant autant que possible le contact de la sonde avec la portion grasse de la viande. Aussi, les changements du pH qui se produisent dans le muscle au cours des premières 24h après l'abattage sont importants et permettent de déterminer la qualité finale de la viande (Andersen et al. 1999). Effectivement, la valeur finale du pH ou le pH ultime (pH_u) mesurée 24h après l'abattage des animaux, peut influencer la qualité de la viande. Pour les bovins, le pH initial du muscle *Longissimus dorsi* est proche de 7 et diminue jusqu'à 5,5-5,7; 24h à 48h après l'abattage (Pearson 2012). Les valeurs en dehors de cette fourchette indiquent une diminution possible de la qualité de la viande. Ce fait est généralement associé à des viandes de mauvaise qualité, appelées viandes sombres (DFD : Dark Firm Dry) et viandes PSE (Pale Soft Exudative) (Briskey 1964). Le défaut de la DFD est présent dans toutes les espèces tandis que, la PSE touche principalement des espèces où prédominent les fibres musculaires blanches. Toutefois, les viandes DFD sont caractérisées par une couleur plus sombre, avec une grande capacité de rétention d'eau, un aspect sec sur la surface, une consistance plus ferme et une conservation incertaine, affectant négativement leur apparence. Tandis que, les viandes PSE sont caractérisées par une couleur plus claire, plus douces et leur eau est très facile à libérer. En outre, de nombreux facteurs *ante* et *post-mortem* influencent la baisse du pH de la viande et plusieurs travaux détaillent l'effet de chacun de ces facteurs (Vestergaard et al. 2000; Bond & Warner 2007).

III.1.7. Bref aperçu sur la composition et valeurs nutritionnelles de la viande de chèvre

Pour la plupart, la viande est considérée comme une source importante de nutriments et même pour ceux qui veulent consommer une alimentation équilibrée, cette dernière est riche en protéines avec un bon équilibre en acides aminés, en minéraux et en vitamines, qui jouent un rôle important dans le métabolisme et sont plus facilement absorbés à partir de la viande, comparés à d'autres aliments (Biesalski 2005; Webb et al. 2005; Wood 2017; Gagaoua & Picard 2020b). Après sa transformation en viande, le muscle des mammifères est majoritairement composé d'environ 75% d'eau, 20 à 21% de protéines et 1% de cendres. Le reste correspond à

la graisse dont la proportion est très variable et dépend de plusieurs facteurs liés à l'animal ou bien externes à ce dernier (Scollan et al. 2001). Les protéines et les graisses sont des composants nutritionnels très importants et de nos jours les consommateurs s'attendent généralement à ce que la viande soit nutritive, saine, fraîche, maigre, tendre, juteuse et savoureuse (Hoffman & Wiklund 2006). La sensibilisation accrue des consommateurs et la prise de conscience sur l'impact de l'alimentation sur la santé, ont entraîné une demande de solutions de rechange saines et de nombreuses personnes ont opté pour des produits faibles en gras. Ainsi, la viande de caprine pourrait jouer un rôle majeur comme une source alternative de viande rouge en raison de son profil salubre d'acides gras, comparée à la viande de bœuf et d'agneau (Webb & O'Neill 2008). Cette viande étant maigre, elle est considérée comme un produit sain et représente une source importante de protéines animales et de Fe (Webb 2014). Par contre, il existe des préoccupations relatives à sa qualité. Par exemple, elle est souvent perçue par les consommateurs comme étant dure, filandreuse et fortement aromatisée (Webb et al. 2005).

III.2. Facteurs de variation

La production de viande, la qualité sensorielle et le rendement en carcasses sont déterminés par plusieurs facteurs pouvant influencer la glycolyse *post-mortem*, qui se répercute directement sur le pH final (Devine et al. 1984; Ferguson & Gerrard 2014), et donc sur la qualité de la viande finale. Ces facteurs peuvent être classés en : (1) facteurs intrinsèques et extrinsèques à l'animal et (2) leur chaîne de production (facteurs *ante* et *post-mortem*). Certains de ces facteurs sont imposés alors que d'autres peuvent être maniés par l'homme le long de la chaîne de production et sont liés à la manipulation des animaux tout au long de leur vie à savoir, les pratiques d'élevage et de production, l'alimentation et toutes les pratiques *ante* et *post-mortem* (le transport et l'abattage). Par contre, ceux qui dépendent exclusivement de l'animal comme, la race/le génotype, le type de fibres musculaires, le sexe, l'âge et les conditions environnementales, ne sont pas imposés et sont hors de contrôle et influencent majoritairement la qualité avant l'abattage (*ante-mortem*). En outre, des facteurs technologiques tels que les techniques d'abattage, mode de suspension des carcasses, la maturation et la cuisson contribuent également à produire une viande présentant les caractéristiques de qualité exigées par les consommateurs (McMillin & Brock 2005; Webb et al. 2005; Kondjoyan & Picard 2019).

III.2.1. Type de fibres Musculaires

Il est largement décrit que la concentration de glycogène varie selon le type de fibres musculaires (Lefaucheur 2010), influençant la glycolyse *post-mortem* et par conséquent le pHu.

Par exemple, les muscles avec une haute proportion de fibres de type I, ont des concentrations de glycogène plus faibles et le pHu baisse plus rapidement par rapport aux muscles dont les fibres sont de type II et qui possèdent des proportions plus importantes de glycogène et une faible baisse du pHu (Devine et al. 1984; Pethick et al. 2005). Aussi, le génotype exerce une grande influence sur les fibres musculaires, comme la présence de mutation du gène de la myostatine chez plusieurs races de bovins hypertrophiés, qui fournit plus de fibres de type IIB et moins de fibres de type IIA et influence donc la baisse du pH (Holmes & Ashmore 1972; Ashmore 1974).

III.2.2. Âge

A l'abattage le facteur âge est très important dans l'industrie de la viande, car il est l'un des critères utilisés dans de nombreux systèmes de classification et de classement des carcasses (Strydom 2011). Aux premiers stades de développement, il impacte faiblement la qualité de la viande, néanmoins, il y a un changement dans la structure et dans la composition du muscle des animaux lors de la croissance et du vieillissement de l'animal (Oury et al. 2007; Micol et al. 2010). Cela engendre des changements dans la tendreté, la couleur et la flaveur (Virgili et al. 2003; Kondjoyan & Picard 2019). De plus, il a été constaté que chez certains animaux âgés, la tendreté et la dureté de la viande augmentent ce qui est dû, principalement, à la diminution de la solubilité du collagène et à la formation d'un nombre accru de liaisons moléculaires, entraînant une augmentation de la rigidité du réseau de collagène chez les animaux âgés (Virgili et al. 2003). D'autre part, suite à leur nature nerveuse et excitable, les caprins sont généralement sensibles au stress (Casey & Webb 2010), ce qui affecte l'acidification de la viande et par conséquent une augmentation du pH, un changement de la couleur de la viande (viande plus foncée), des valeurs de force de cisaillement et une capacité de rétention d'eau, plus élevés.

Ainsi, l'établissement d'un système qui minimise le stress est important pour une meilleure production en terme de qualité de la viande de caprins (Kadim et al. 2014). D'ailleurs, il a été observé que l'intensité de la couleur rouge de la viande caprine, augmente graduellement avec l'âge de l'animal (Pratiwi et al. 2004). Bien que l'effet de l'âge comme facteur de qualité de la viande de caprine ne soit pas bien documenté, il a été constaté que le muscle de caprin à deux se trouvant en Afrique du Sud, avait une force de cisaillement plus faible que celui des caprins à 8 dents (Simela et al. 2004). En plus, d'après plusieurs auteurs, la viande des caprins allaitantes âgées de 5 semaines, est plus tendre que celle des caprins post-pubères de 34 semaines tandis que, la viande des caprines abattues à 17 semaines a une force de cisaillement intermédiaire (Saccà et al. 2019). Ces auteurs ont ainsi conclu que la variation de la force de cisaillement entre les caprins allaitants et les caprins post-pubères est due à l'expression des

gènes responsables des protéines du choc thermique, qui peuvent changer avec l'âge. Selon Lomiwes et al. (2014a), ces protéines modulent l'apoptose dans les muscles et influencent la qualité finale de la viande. Par ailleurs, la tendreté de la viande diminue avec l'âge de l'animal (Abhijith et al. 2021; Bao et al. 2021), ce qui fait que la viande de chèvres plus âgées ne soit pas appropriée à la consommation comme viande fraîche mais plutôt pour la transformation en produits dérivés, à valeur ajoutée (Webb et al. 2005; Leite et al. 2015).

III.2.3. Sexe

Le sexe de l'animal a un rôle important dans la qualité de la viande, en particulier le niveau de l'engraissement, qui varie d'une manière importante pour les femelles (♀), les mâles (♂) ou bien les animaux castrés. En effet, l'évolution des caractéristiques musculaires pour le mâle et la femelle n'est pas la même et le facteur sexe influence particulièrement la couleur et la tendreté, car les caractéristiques musculaires évoluent différemment chez les mâles et les femelles (Micol et al. 2010). D'après les résultats rapportés par Rodrigues and Teixeira (2009), qui ont étudié l'effet du sexe sur la qualité de la viande de la race caprine *Cabrito Transmontano* et dont le poids des carcasses est compris entre 4 à 9 kg, la viande des mâles a présenté une meilleure jutosité et saveur, ainsi qu'une meilleure acceptabilité par rapport à la viande issue des femelles. De ce fait, l'interaction entre l'âge et le sexe est essentielle pour l'accumulation des graisses dans la carcasse. En outre, la viande de femelles âgées présente plus d'engraissement comparée aux jeunes mâles.

III.2.4. Race

La race ou le génotype est un facteur clé de la qualité de la carcasse, des qualités productives de l'animal et aussi de la qualité finale de la viande produite (Warmington & Kirton 1990). Cet effet sur la qualité réside principalement dans l'emplacement des dépôts de graisses et est lié à la vitesse à laquelle les animaux atteignent la maturité (rapidement ou lentement), ce qui mène à la détermination de l'âge optimal d'abattage (Dhanda et al. 2003). Il a été constaté qu'il existe plusieurs races caprines de six génotypes différents et que les races Boer × Feral ont tendance à déposer plus de graisse sous-cutanée et intermusculaire avec une faible force de cisaillement, ce qui implique une viande plus tendre comparée au génotype de Saanen Feral. En effet, après comparaison, il a été observé que les différentes races caprines issues de la chèvre Boer et de ses croisements, ont tendance à déposer plus de graisse sous-cutanée et intermusculaire et ont par conséquent une meilleure qualité sensorielle que d'autres races (Dhanda et al. 2003; Ding et al. 2010). Par ailleurs, les caractères sensoriels et la qualité organoleptique de la viande ne dépendent pas uniquement de la race de l'animal dont elles sont

issues, mais dépendent également de la variabilité individuelle au sein de chaque race (Renand et al. 2001; Gagaoua et al. 2019).

La différence des races implique aussi une réaction différente au stress. Kadim et al. (2004) ont constaté l'influence du stress sur la qualité de la viande chez trois races caprines Omanis, où l'une d'entre elles, était caractérisée par son pH significativement plus élevé que les autres dans tous les types de muscles analysés (*longissimus dorsi*, *biceps femoris*, *semitendinosus* et *semimembranosus*). Ceci a été corroboré par Kadim et al. (2006), après la détection d'une concentration élevée d'une hormone de stress chez la même espèce, qui confirme sa grande sensibilité au stress.

III.2.5. Transport et abattage

L'ensemble des manipulations que l'animal subit depuis l'établissement d'élevage à l'abattoir et jusqu'au moment de l'abattage, plus précisément les heures qui précèdent l'abattage, sont les aspects les plus importants et les plus déterminant du processus de production d'une viande de qualité (Warriss 1990; Castro & Robaina Piegas 2003).

Le transport affecte directement ou indirectement le bien-être des animaux et donc la qualité de la viande et de la carcasse. Durant cette phase les animaux sont exposés à des conditions inhabituelles, agressives et menaçantes pour l'animal, à savoir le changement d'environnement et la perte de ses congénères, surtout que les caprins sont peu familiers aux humains (Kruger et al. 2016). Aussi, la mise à jeun, la stabulation, le transport d'animaux et les manipulations associées, tels que le chargement et le déchargement des animaux, la peur, le stress, la déshydratation et la faim, l'augmentation de l'activité physique, la fatigue et parfois même les blessures physiques, peuvent induire plusieurs réactions physiologiques et métaboliques (Terlouw et al. 2008; Reiche et al. 2019), et cela peut même mener à une détresse psychologique supplémentaire chez l'animal. En plus, tout comme les autres animaux, les caprins n'échappent pas au stress provoqué par le transport de la ferme à l'abattoir et qui peut engendrer une réaction aiguë, impliquant une augmentation du cortisol plasmique, de l'adrénaline, de la noradrénaline et des concentrations en dopamine, ce qui affecte négativement les paramètres de qualité comme le pH ultime, la jutosité, la force de cisaillement, la perte à la cuisson et la couleur (Kannan et al. 2000; Kannan et al. 2003; Webb et al. 2005; Kadim et al. 2006). Selon Kannan et al. (2000), les caprins arrivent à se rétablir du stress lié au transport après 3h, donc il est important de permettre aux caprins d'avoir une période de repos d'au moins 3h avant de procéder à l'abattage. Pendant cette période d'attente, ces animaux doivent être soumis à une diète hydrique pendant laquelle ils sont privés d'alimentation, pour que les viscères soient les

plus vides possible et afin d'éviter un abattage en cours de digestion et une contamination de la carcasse par le contenu intestinal (Gregory & Grandin 1998). Néanmoins, les périodes d'attente qui dépassent les 18h sans alimentation, entraînent un stress accru et un rétrécissement du poids vif, ce qui engendre des pertes économiques et un impact sur la qualité de la viande. Donc, il est important de rendre cette période d'attente plus courte (Kannan et al. 2000; Kannan et al. 2002).

III.2.6. Pratiques d'élevages et alimentation

Il est nécessaire de savoir que toutes les conditions qui prédisposent l'animal au stress sont défavorables et peuvent avoir un impact sur la qualité finale de la viande y compris l'élevage dans des conditions environnementales. Toutefois, les études sur l'influence des pratiques d'élevages et des facteurs environnementaux sur la physiologie animale et la qualité de la viande caprine, restent limitées (Warmington & Kirton 1990; Maltin et al. 2001; Terlouw et al. 2015). En plus, il y a peu d'informations sur les pratiques de gestion et les facteurs environnementaux qui agissent sur la physiologie des animaux et la qualité des viandes caprines. Kruger et al. (2016), ont révélé que les procédures de routine comme la vaccination, peuvent entraîner une augmentation de la concentration sérique du cortisol, une indication de la réponse au stress aiguë, tout comme les autres facteurs environnementaux telles que l'exposition à la chaleur et la privation d'aliments et d'eau. En outre, le stress psychologique subit sur les caprins exposés à la manipulation de routine est dû à des stimuli comme le bruit, l'effort physique et même la force physique lors du déplacement des animaux. En outre, l'étude réalisée par Kruger et al. (2016), a confirmé que les caprins craignent les humains inconnus, les nouveaux environnements et les situations menaçantes (Zimerman et al. 2011). Ainsi, minimiser la peur pendant la manipulation des animaux est une étape importante qui aide à réduire les effets associés au stress, sur la qualité de la viande de caprine.

Quant à l'alimentation, elle joue un rôle très important dans la qualité de la viande obtenue, car les aliments ingérés sont la source à partir de laquelle les animaux reçoivent les nutriments nécessaires au métabolisme, pour leur croissance et pour le développement des caractéristiques musculaires et donc la composition tissulaire de la carcasse et chimique de la viande (Muir et al. 1998; Vestergaard et al. 2000). Dans l'étude de Rivero et al. (2022), les races laitières et les chevreaux élevés avec des substituts de lait avaient moins de fibres oxydatives que les races à viande et les chevreaux élevés avec leurs mères. De plus, les fibres musculaires mesurées dans cette étude étaient plus petites chez les races laitières et leur descendance élevée avec du lait de remplacement, comparées aux races à viande et leur descendance.



Chapitre IV : La protéomique et ses applications dans les recherches sur la qualité de la viande

Chapitre IV

IV.1. Biomarqueurs de la qualité de la viande

IV.1.1. Démarches pour l'identification des biomarqueurs

Un biomarqueur est une molécule biologique (Picard et al. 2015; Califf 2018), qui montre une expression différentielle liée à un phénotype particulier, indicateur des processus biologiques ou des réponses à une exposition ou à une intervention, qui peut être caractérisée et mesurée quantitativement (Picard et al. 2011; Gagaoua et al. 2017b; Te Pas et al. 2017). L'emploi de ces biomarqueurs dans la qualité des produits carnés, notamment la viande fraîche, peut concerner la prédiction des propriétés sensorielles, ce qui implique comme développé dans le chapitre précédent une connaissance et une maîtrise des processus régissant les relations entre les caractéristiques musculaires et les phénotypes de la viande. En effet, cela permet de valider des biomarqueurs de la qualité de la viande tels que le pH, la texture, la capacité de rétention d'eau, la couleur et les pertes en eaux de la viande fraîche et/ou de la viande cuite ou transformée. Ainsi, cette démarche comprend principalement 6 grandes phases : (1) La phase de découverte et d'identification ; (2) la qualification ; (3) la vérification ; (4) l'optimisation des essais de recherche ; (5) la validation industrielle et enfin (6) la commercialisation (Gagaoua et al. 2020a; Picard & Gagaoua 2020a). Dans toutes ces phases, la quantification de l'abondance des protéines et de leurs analyses à l'aide d'algorithmes statistiques appropriés et d'outils bio-informatiques est une étape cruciale. Il est à noter que la plupart des recherches menées sur des échantillons biologiques visent à maximiser la détection des protéines différentielles, bien que cela soit lié à la sensibilité et à la précision des instruments, tout en minimisant le nombre d'échantillons.

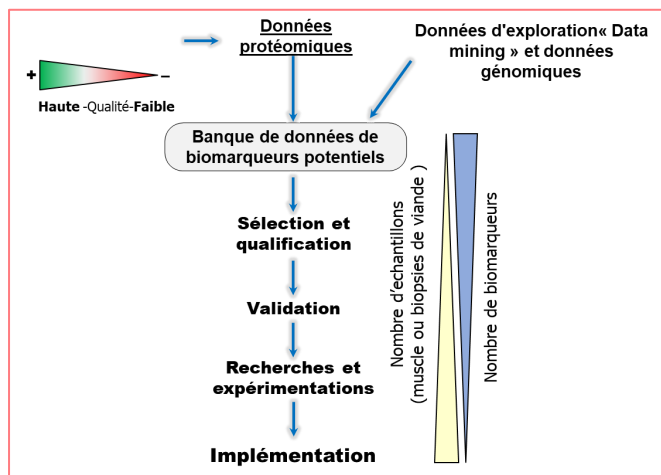


Figure 13. Schéma récapitulatif des principales phases de découverte des biomarqueurs protéiques de la qualité de la viande (adapté de (Gagaoua 2021)).

IV.1.1. Phase de préparation

Avant de commencer la recherche sur les biomarqueurs potentiels de la qualité de la viande, il existe une phase de préparation au cours de laquelle une concertation avec les acteurs de la filière concernée tels que les industriels, les éleveurs et les responsables d'abattoirs, est effectuée afin de déterminer les objectifs spécifiques d'utilisation, des avantages et des applications potentielles de ces biomarqueurs. Ensuite, vient une étude approfondie regroupant tous les biomarqueurs potentiels et préexistants, déjà identifiés par de précédentes recherches, une approche dénommée integromique (Gagaoua et al. 2021c; Gagaoua & Picard 2022; Gagaoua et al. 2024). Par ailleurs, dans le cas où ces dernières ne sont pas satisfaisantes, il serait nécessaire de développer des recherches et de nouvelles méthodes appropriées, pour de nouvelles identifications avant leur validation et utilisation, que ce soit en biologie humaine, en clinique ou bien dans l'industrie et le secteur alimentaire, mais avant cette étape, les biomarqueurs doivent passer par un processus comprenant plusieurs phases dont, la découverte, la qualification, la validation et le développement (Rifai et al. 2006; Te Pas et al. 2011).

IV.1.2. Découverte et identification

Cette première phase consiste en une comparaison des groupes d'échantillons et de matériel biologique, particulièrement des biopsies musculaires, et d'autres sources biologiques constituées de plasma ou d'exsudats de viande. Comme par exemple la détermination de la tendreté des échantillons de la viande tendre et dure, qui s'effectue par évaluation sensorielle grâce à un panel de jury entraîné ou par des méthodes mécaniques telles que la mesure de la force de cisaillement par la méthode de Warner-Bratzler (Picard & Gagaoua 2020a; Gagaoua et al. 2021b). D'autre part, la sélection des échantillons se fait à l'aide de seuils précis qui correspondent à l'acceptation ou à la satisfaction du consommateur à l'égard de la qualité d'un produit carné (Holman & Hopkins 2021). Ces deux phases ont pour objectif d'augmenter autant que possible le nombre de candidats liés à la variabilité du caractère d'intérêt. Par conséquent, la nature de l'échantillon devrait être soigneusement sélectionnée pour assurer une acceptabilité des biomarqueurs candidats sur un nombre maximum d'échantillons. Aussi, l'identification de nouveaux biomarqueurs consiste à établir un compromis entre la nécessité d'utiliser un tissu ou un bio-fluide particulier. Généralement, les échantillons se trouvent dans les mêmes conditions par exemple, le même muscle en particulier *M. longissimus thoracis*, la même race, le même sexe et aussi en travaillent sur des animaux élevés dans le même système de production, permettant ainsi de réduire les facteurs de variations. Cette précaution permet donc de réduire les facteurs confus et les biais, conduisant à une identification précise des protéines

différenciées et abondantes, entre les groupes de la qualité de la viande (Gagaoua et al. 2021c; Zhu et al. 2021; Gagaoua & Picard 2022; Gagaoua et al. 2024).

En termes de méthodologie, la première phase de découverte consiste en un ensemble d'étapes comme l'échantillonnage et la catégorisation. Les échantillons sont sélectionnés en fonction du phénotype d'intérêt avec un seuil spécifique et l'extraction des protéines est effectuée par l'utilisation des extraits de protéines totales et de protéines sarcoplasmiques ou bien de protéines myofibrillaires et cela est réalisé selon l'objectif, jusqu'à l'identification et la quantification des protéines différentielles par spectrométrie de masse (Nilsson et al. 2010). De plus, les technologies de séparation actuelles jouent un rôle important à cet égard, en assurant une reproductibilité et une sensibilité élevées de l'identification. En effet, cette dernière peut se faire soit au niveau des protéines ou bien des peptides après la digestion trypsique des protéines de chaque échantillon, appelées respectivement approche « top-down » ou « bottom-up » (Gagaoua et al. 2021c; Gagaoua & Picard 2022; Gagaoua et al. 2024). Dans la première approche, l'électrophorèse monodimensionnelle ou bidimensionnelle couplée à la spectrométrie de masse est la méthode la plus courante et la plus efficace pour l'analyse, la séparation et l'identification des protéines. Bien que les méthodes fondées sur l'électrophorèse aient été largement utilisées au cours des premières années, la technologie moderne la plus appropriée pour la découverte des biomarqueurs de protéines, demeure la spectrométrie de masse sans gel (Kiyimba et al. 2021). Par ailleurs, dans la deuxième approche et comme approche alternative à l'électrophorèse sur gel, les nouvelles plateformes de spectrométrie de masse à très haute sensibilité et résolution, sont utilisées pour une approche ascendante, permettant par le biais de la protéomique une meilleure répétabilité et une analyse complète du protéome ou des sous-protéomes ciblés. Enfin, indépendamment des méthodes et lorsque les biomarqueurs des protéines candidates sont identifiés et confirmés à l'aide de plusieurs analyses statistiques, l'étape suivante est la qualification et la validation à grande échelle. Cette phase nécessite des outils à haut débit et si possible, ceux qui pourraient être utilisés dans la pratique par l'industrie pour gérer la qualité de la viande ou d'une carcasse (Te Pas et al. 2011; Picard & Gagaoua 2020a).

IV.1.3. Phases de qualification et validation

Après l'obtention d'une liste préliminaire des biomarqueurs à tester, une phase de validation de ces derniers est mise en place, pour déterminer leur fiabilité, puis pour établir une validation interne et externe (au cours de cette phase de nouveaux lots d'échantillons indépendants des échantillons précédent sont utilisés), et enfin ces biomarqueurs peuvent être utilisés pour prédire les paramètres de production (Huang et al. 2020). Ces prédictions sont

ensuite comparées avec les paramètres réels mesurés. Cette phase est soumise aux mêmes étapes optimisées lors de la détermination des biomarqueurs, afin de s'assurer que l'expression différentielle de la protéine est détectable par le test qui sera utilisé pour son évaluation, comme par exemple, le fait de tester des techniques rapides pour la qualification des biomarqueurs en nombre acceptable d'animaux ou de carcasses, permettant la confirmation de l'abondance différentielle de la protéine à l'aide d'une méthode généralement différente de celle utilisée pour l'identification du candidat biomarqueur. Dans ce contexte, les biomarqueurs des protéines candidates peuvent être testés à l'aide de techniques immunologiques, telles que le western-blot, le Dot-Blot (Guillemin et al. 2009; Gagaoua et al. 2015b; Gagaoua et al. 2019), la technique de puces à protéines en phase reverse (RPPA) (*Reverse Phase Protein Array*) (Gagaoua et al. 2018a; Picard et al. 2018; Gagaoua et al. 2020a), ou bien a spectrométrie de masse qui s'avère un outil efficace pour l'analyse ciblée grâce à des techniques spécifiques comme la Surveillance des Réactions Sélectionnées (SRM), l'Acquisition par Fenêtre Séquentielle de tous les Spectres Théoriques (SWATH) (López-Pedrouso et al. 2021), ou encore la Surveillance des Réactions Parallèles (PRM) (Bonnet et al. 2020). Ces étapes, ainsi que celles des approches intégratives (intégration de données omiques) sont fondées sur des études déjà publiées (Gagaoua et al. 2020b; Picard & Gagaoua 2020a; Gagaoua et al. 2021b), permettent une présélection d'un petit nombre de biomarqueurs candidats, hautement qualifiés, qui participent à l'avancement dans la démarche de la découverte des biomarqueurs à travers une phase de validation externe.

Toutefois, durant la phase de validation et de développement, les biomarqueurs protéiques qualifiés et validés sont principalement mesurés sur un nombre important d'animaux, constituant des milliers d'échantillons représentatifs. Pendant cette phase de validation, une modification de la méthode de détection peut être nécessaire, surtout que la spectrométrie de masse n'est pas acceptée comme méthode d'essai de validation par Food and Drug Administration (FDA), puisqu'elle n'est pas considérée comme un outil de mesure de haute précision (Kingsmore 2006). A ce niveau, l'objectif consiste à déterminer la fiabilité des biomarqueurs ciblés, ainsi que leur validation interne sur un plus grand nombre d'animaux de forte hétérogénéité et de préférence dans des conditions industrielles.

IV.2. Approche Protéomique

Selon Wilkins et al. (1996), le terme « protéome » désigne l'ensemble de protéines exprimé par un génome dans une cellule ou un tissu, qui regroupe les informations sur l'expression des protéines totales de la cellule à un certain moment, afin de révéler la fonction des gènes. La protéomique est l'étude de ce protéome qui a pour rôle l'obtention des

informations sur l'expression des protéines cellulaires. Il s'agit d'une technique incontournable offrant de nombreux avantages puisqu'elle est considérée comme étant le lien entre le génome et les caractéristiques fonctionnelles qui ont lieu dans des conditions différentes au niveau des organismes vivants. Contrairement au génome, le protéome change continuellement suite à l'impact des facteurs environnementaux et de transformation, conduisant à des interactions ou des modifications des protéines produites comme la dégradation, la dénaturation, l'oxydation et la phosphorylation (Hollung et al. 2007; Picard et al. 2015). Cette technique est utilisée pour obtenir des informations sur l'expression des protéines cellulaires et pour révéler la fonction des gènes (Picard et al. 2015; Zhou et al. 2021). De plus, la protéomique est une partie intégrante de la discipline dite « Foodomics », qui est un outil précieux, permettant de comprendre la biochimie et les molécules pertinentes associées aux paramètres de la qualité de la viande (Gagaoua et al. 2021a; Munekata et al. 2021).

En effet, la protéomique est utilisée dans les sciences des aliments y compris pour les recherches sur la qualité de la viande et produits carnés, pour étudier la relation entre le protéome musculaire et plusieurs processus biochimiques (Jia et al. 2006; Jia et al. 2007), impliqués dans les caractéristiques sensorielles de la viande à savoir : la tendreté (Ouali et al. 2013; Picard et al. 2014), la couleur (Joseph et al. 2012; Canto et al. 2015a; Gagaoua et al. 2015b) et la capacité de rétention d'eau (Di Luca et al. 2013; Liu et al. 2016; Bao & Ertbjerg 2019), et dont le but ultime consiste à rechercher les biomarqueurs protéiniques, liés à la qualité de la viande. Toutefois, la caractérisation du protéome reste compliquée et cette difficulté réside dans sa variabilité dans le temps, dans la complexité de l'échantillonnage, ainsi que dans sa faible capacité de résolution des méthodes classiques (Chen et al. 2017). C'est dans cette optique que les nouvelles méthodes comprennent des combinaisons innovantes de différentes techniques de protéomique adaptées aux études sur la (Kawashima et al. 2019) viande (D'Alessandro & Zolla 2013). Les étapes résumant l'analyse protéomique d'un échantillon biologique sont schématisées dans la (**Figure 14**).



Figure 14. Les différentes étapes de l'analyse protéomique de l'échantillon biologique aux protéines identifiées (Gagaoua 2021)

**Schématiquement, l'analyse protéomique commence par l'extraction et le fractionnement des protéines d'un échantillon biologique (biopsie du muscle prélevé en début de post-mortem ou de viande mature, suivie par la séparation des protéines par électrophorèse à l'aide de gels mono- ou bidimensionnels et révélation (coloration) des protéines séparées, puis récupération des bandes ou des points d'intérêt et leur identification par spectrométrie de masse après digestion trypsique. Les peptides obtenus sont utilisés pour l'identification, la caractérisation et/ou la quantification des protéines au moyen d'outils bio-informatiques (in silico), ainsi que pour des analyses statistiques pour les relier aux phénotypes d'intérêt.*

Deux techniques de base de séparation des protéines ont été décrites dans les années 1960 : (1) L'électrophorèse SDS-PAGE (électrophorèse en gel de polyacrylamide contenant du dodécylsulfate de sodium), qui permet la séparation des protéines en fonction de leurs masses moléculaires et (2) la focalisation isoélectrique (IEF), qui sépare les protéines selon leurs poids isoélectriques. Par ailleurs, l'utilisation de l'électrophorèse mono-dimensionnelle (1-DE) dans des conditions réductrices et dénaturantes (SDS-PAGE), a un grand impact dans le domaine de la qualité des viandes puisqu'elle a permis l'étude des groupes d'enzymes clés constituées de calpaïnes et leur inhibiteurs (calpastatine), jouant un rôle dans la dégradation des protéines myofibrillaires lors du processus de transformation *post-mortem* du muscle en viande (Bandman & Zdanis 1988; Koohmaraie 1994). Par contre, ces études ont des limites et des incapacités à effectuer des analyses de protéines à grande échelle et à haut débit. De nos jours, la plupart des stratégies d'analyses en protéomique, reposent sur au moins deux séparations dimensionnelles de protéines, soit par la méthode d'électrophorèse ou par la chromatographie, suivies d'une analyse par spectrométrie de masse (MS). Parmi les méthodes de séparation protéomiques les plus utilisées, l'électrophorèse bidimensionnelle sur gel (2-DE) (Lametsch & Bendixen 2001), dans laquelle les protéines sont séparées selon leurs points isoélectriques (pI) dans la première dimension (méthode IEF) (Beldarrain et al. 2018), et selon leur masse moléculaire dans la

seconde dimension (méthode SDS-PAGE). C'est dans ce contexte que, (Bouley et al. 2004) ont réussi à établir une cartographie du muscle squelettique bovin à l'aide d'une combinaison des deux analyses 2-DE et MS. Ils ont ainsi été en mesure d'identifier 129 spots protéiques liés au métabolisme, des cellules de structure/de défense et l'appareil contractile. Généralement, la 2-DE permet la séparation simultanée de 500 à 2000 espèces de protéines. En plus, les isoformes ou les modifications différentielles post-traductionnelles peuvent également être distinguées. Toutefois, le temps et les efforts requis pour effectuer la séparation avec la 2-DE sont considérables et une étape préalable de préfractionnement/enrichissement est généralement nécessaire pour simplifier la complexité de l'échantillon (Hollung et al. 2007). À cet égard, une vaste gamme de méthodes de préfractionnement a été développée dans le but de séparer les mélanges de protéines complexes et d'obtenir des fractions contenant un nombre réduit de protéines avant l'analyse par la 2-DE et/ou la MS (Kim et al. 2008).

L'une des technologies émergentes est la focalisation isoélectrique liquide (OFFGEL) (Yang et al. 2014), qui sépare les protéines selon leur pI . Une chambre multi-compartiments intégrée par 12 ou 24 puits est placée sur des bandes de gel du gradient du pH (IPG), immobilisées. Les protéines solubilisées, migrent ensuite à travers les bandes IPG jusqu'à ce qu'elles atteignent respectivement le pH correspondant à leur pI (Vincent & Solomon 2011). L'avantage majeur du fractionnement OFFGEL par rapport à l'électrophorèse bidimensionnelle, consiste en la récupération directe des protéines fractionnées/enrichies à partir de la phase liquide et la possibilité de les analyser encore une fois par gel suivant les étapes de séparation (SDS-PAGE) ou directement par des stratégies sans gel telles que la chromatographie liquide couplée à la spectrométrie de masse (LC-MS). Par ailleurs, malgré la popularité de méthodes à base de gel, cette dernière a des inconvénients intrinsèques telles que la dangerosité d'utilisation des produits chimiques (polyacrylamide), la mauvaise représentation des protéines moins abondantes et l'analyse quantitative chronophage et inexacte des résultats (Abdallah et al. 2012). Dans ce sens, les approches sans gel comme OFFGEL ont reçu un intérêt très prometteur et des résultats ont été obtenus dans d'autres domaines de contrôle de la qualité et de la traçabilité de la viande et des produits à base de viandes. En revanche, des études utilisant le fractionnement direct de la protéine OFFGEL avec l'analyse LC-MS sont toujours rares dans le domaine de la recherche sur la qualité de la viande (Sentandreu et al. 2010; Beldarrain et al. 2018).

IV.3. Approche protéomique et qualité de la viande

Les outils protéomiques ont été utilisés afin d'étudier plusieurs aspects de la viande avant (Bendixen 2005; Mullen et al. 2006). Les applications s'intéressant à la période pré-abattage s'intéressent à expliquer les mécanismes liés à la croissance des animaux (Doherty et al. 2004) et leurs caractéristiques musculaires (Okumura et al. 2005), alors que les applications sur la période *post-mortem* sont principalement liées aux paramètres de la qualité de la viande et leur explication. La **Figure 15** résume l'approche protéomique dans un objectif d'études des changements biochimiques *post-mortem* et/ou la découverte de biomarqueurs de la qualité de la viande (Gagaoua et al. 2015b; Picard & Gagaoua 2020a).

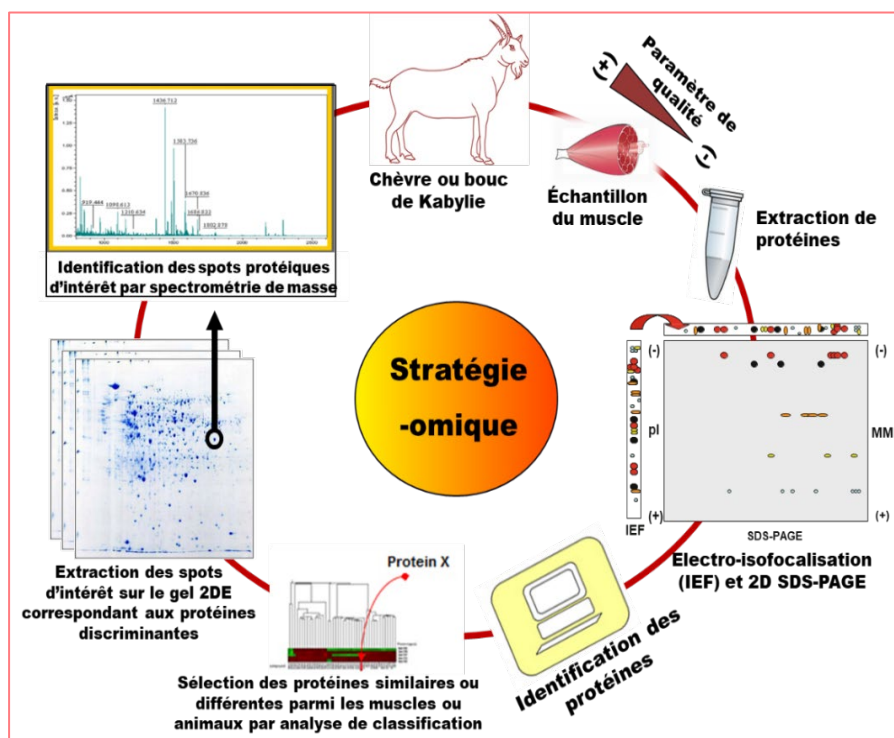


Figure 15. Stratégie protéomique appliquée pour la caractérisation de la viande (Gagaoua & Picard 2022).

**A partir du type animal (exemple chèvre), un échantillon du muscle est classé sur la base d'un critère de qualité supérieure (+) ou inférieure (-) et, est utilisé pour extraire les protéines myofibrillaires et/ou sarcoplasmiques. L'extrait protéique est par la suite utilisé pour la réalisation d'un gel d'électrophorèse bidimensionnelle après une iso-électrofocalisation (d'autres approches de séparation peuvent être aussi appliquées comme l'approche shotgun). Les images des gels colorés au seront par la suite traitées et les spots d'intérêt seront analysés statistiquement. Les spots les plus discriminants seront excisés du gel pour les identifier par spectrométrie de masse. Les protéines identifiées serviront d'une part comme marqueurs du critère de qualité recherché ou d'autre part à expliquer et mieux comprendre les mécanismes biologiques sous-jacents du paramètre- de qualité étudié.*

IV.3.1. Protéome du muscle post-mortem

Plusieurs études protéomiques ont fait l'objet de recherches sur le protéome *post-mortem*, visant à décrire les changements dans différents muscles (Lametsch et al. 2002). La

majorité des études sont réalisées par le biais de séparation des protéines par électrophorèse bidimensionnelle, suivies par l'identification des protéines par spectrométrie de masse (**Figure 15**). Cette approche fournit habituellement un nombre limité d'identifications, mais quelques tendances apparaissent encore dans les études récentes de protéomique. Des études sur le porc ont montré des changements dans les enzymes impliquées dans le processus énergétique et métabolique et aussi dans la dégradation des protéines de structure (Lametsch et al. 2002; Morzel et al. 2004; Hwang et al. 2005). Parmi ces dernières, figurent plusieurs fragments d'actine et la démonstration d'une dégradation successive de cette protéine structurale par un processus protéolytique. Les travaux de Laville et al. (2009) ont aussi décrit la dégradation *post-mortem* de l'actine dans le muscle long dorsal des bovins et une différence entre le muscle jugé dur et tendre. La première synthèse sur la biomarqueurs de la tendreté de la viande par Ouali et al. (2013) a montré et proposé l'intérêt de l'actine comme un bon marqueur d'apoptose *post-mortem*. De plus, un changement énergétique après l'abattage est soutenu par une augmentation d'enzymes impliquées dans la voie glycolytique et le cycle de Krebs comme il a été rapporté chez le bovin (Jia et al. 2006). En plus, le changement dans la solubilité des protéines au cours de la première période *post-mortem* a été constaté grâce à des approches protéomiques. Ceci a été étudié par comparaison des fractions protéiques, entre celles des protéines solubles et des protéines insolubles pour les mêmes échantillons (Jia et al. 2006; Bjarnadóttir et al. 2010). De même, plusieurs protéines solubles étaient encore observées dans la fraction insoluble probablement suite à la précipitation ou à l'agrégation, passant ainsi d'un état soluble à un état insoluble. Le mécanisme de ce changement dans la solubilité des protéines et des enzymes reste encore méconnu, cependant la baisse du pH causée par l'augmentation de la glycolyse et la libération en *post-mortem* du lactate, pourrait être une explication, car la solubilité des protéines est fortement liée aux propriétés isoélectriques. L'autre raison pourrait aussi être due au clivage protéolytique, qui peut engendrer des modifications dans les propriétés isoélectriques.

IV.3.2. Potentiel hydrogène (pH)

Le pH de la viande est un facteur crucial qui peut avoir un très grand impact sur plusieurs caractéristiques de la qualité de la viande, y compris la couleur, la protéolyse *post-mortem*, la tendreté, la capacité de rétention d'eau et la durée de conservation (Gagaoua et al. 2017a), d'ailleurs plusieurs auteurs ont étudié le protéome de baisse du pH en *post-mortem* chez différentes espèces (Huang et al. 2014; Wu et al. 2014; Zhang et al. 2014). Par exemple, Gagaoua et al. (2015b) ont analysé les relations entre 20 protéines biomarqueurs de la tendreté initialement identifiés par Picard et al. (2014). Le pH musculaire a été mesuré à trois temps *post-mortem*, à

savoir 45 min, 3h et 24h (pH ultime). Ils ont ainsi observé que l'abondance de trois protéines (actine, PRDX6 et MDH1), étaient négativement liées au pH à 45 min. Tandis que, le pH à 3h était lié négativement à plus d'une protéine à savoir, les protéines glycolytiques (ENO3 et LDHB), les protéines de stress thermique (Hsp20, HSP70-GRP75), les protéines de structure (MyBP-H) et enfin celles impliquées dans le stress oxydatif (PRDX6 et DJ-1). En revanche, le pH ultime était négativement lié à la structure des protéines (actine, CapZ-beta), HSP70-GRP75 et des protéines du stress oxydatif (PRDX6 et DJ-1) et positivement lié à la protéine structurale MyHC-IIx/b. Cette étude a donc révélé que plusieurs voies métaboliques, notamment les enzymes glycolytiques et Hsps jouent un rôle important dans la baisse rapide du pH en *post-mortem*. Conformément à ces résultats, Lomiwes et al. (2014b) ont montré qu'une diminution rapide du pH, induit une liaison des Hsps aux myofibrilles. Ceci est en conformité avec l'implication de l'apoptose au début de l'abattage dans la conversion du muscle en viande (Ouali et al. 2006; Ouali et al. 2013). D'autre part, Pulford et al. (2008) ont révélé que les Hsps sont très sensibles aux faibles valeurs du pH avec une expression limitée, 22h après l'abattage.

L'implication des protéines glycolytiques dans la baisse du pH au cours de la première heure suivant l'abattage est en cohérence avec l'activité glycolytique élevée dans les conditions hypoxiques en *post-mortem*, pour fournir de l'énergie et préserver la mort cellulaire. Pancholi (2001), ont également proposé que l'énolase (ENO3=, pourrait protéger les cellules en augmentant le métabolisme anaérobie dans les situations hypoxiques. D'ailleurs, la PRDX 6 (peroxyredoxine 6) était la seule protéine possédant deux activités constituées de la glutathion peroxydase (GPx, antioxydante) et de la phospholipase A2 (PLA2) et fait partie des 20 protéines étudiées par (Gagaoua et al. 2015b) et corrélée avec les 3 mesures du pH (45 min, 3h et pHu). Ceci montre le rôle important du processus oxydatif pendant la baisse du pH. De plus, Gagaoua et al. (2015b) ont émis l'hypothèse que l'action de la PRDX6 sur la baisse du pH pourrait être due à son activité PLA2.

IV.3.3. Couleur

Les changements du protéome des muscles squelettiques se poursuivent tout au long de la phase *post-mortem* (Hollung et al. 2007), ce qui a un impact inévitable sur la couleur de la viande. Ainsi, il a été rapporté par plusieurs études protéomiques, que les protéines associées aux paramètres de la couleur de la viande (L^* , a^* , b^*) et à sa stabilité chez différentes espèces, sont principalement impliquées dans la contraction musculaire, le métabolisme énergétique, les voies de signalisation et l'apoptose (Sayd et al. 2006; Joseph et al. 2012; Desai et al. 2014; Suman et al. 2014; Canto et al. 2015b; Joseph et al. 2015; Wu et al. 2015; Gagaoua et al. 2020b; Gao et al.

2021). Les récentes recherches en protéomique sur la couleur de la viande, sont axées sur l'interaction entre la myoglobine avec d'autres molécules, comme les peroxiredoxine-2, la dihydropteridine réductase et la Hsp27 et qui sont liées à la stabilité de la couleur en surface (Joseph et al. 2012). (Gagaoua et al. 2020b) d'autres études sur le bovin ont également révélé plusieurs protéines liées à la stabilité de la couleur dont les protéines de stress Hsp70 (Hsp70-1A/B, Hsp70-8). Kwasiborski et al. (2008) ont trouvé des corrélations négatives entre Hsp72 et Hsp70-1 avec a^*/b^* (l'indice rouge / l'indice du jaune) et L^* (luminosité) dans le muscle LT du porc. Ces résultats ont été confirmés par (Gagaoua et al. 2015b), qui ont également constaté une corrélation négative entre les deux protéines Hsp27 et Hsp70 et les valeurs de luminosité (L^*), mais positive avec celles du (b^*) l'indice du jaune. Par contre, (Gagaoua et al. 2015b) ont constaté une corrélation positive entre les valeurs L^* et l' α -actine et MyHC-IIa dans le muscle LT des taurillons de la race Blonde d'Aquitaine. L' α -actine a également été trouvée en relation avec les valeurs L^* . Aussi, les protéines PRDX6 et MDH1 ont été positivement corrélées avec l'indice rouge (a^*). Les enzymes glycolytiques comme PGM1, GAPDH et ENO3 ont été positivement corrélées avec les valeurs a^* chez le bœuf (Joseph et al. 2012; Canto et al. 2015b). Ces résultats confirment le rôle de la voie glycolytique dans la production du NADH, qui est un important cofacteur de la formation de la MetMb. Zhang et al. (2014) ont révélé des corrélations négatives entre Hsp90 et les valeurs L^* et b^* , mais aucune relation avec celles du a^* . De même, (Gagaoua et al. 2015b) ont identifié sept protéines corrélées à la fois avec les paramètres L^* et b^* (α -B Hsp70-1B, Hsp70-8, MyHCI, μ -calpain, ENO 3, MyHBP-H). Les MyBP-H ont été positivement corrélées avec L^* et négativement corrélées avec b^* dans le muscle LT des bovins. En outre, dans cette étude, les auteurs ont constaté que les deux protéines Hsp70-1A/B et μ -calpaïne étaient corrélées avec les trois paramètres de couleur et négativement avec les valeurs L^* et positivement avec celles de a^* et b^* , ce qui pourrait interactivement influencer la couleur de la viande. À partir de toutes ces données, (Gagaoua et al. 2015b) ont proposé que les espèces réactives à l'oxygène (ROS), endommagent le réticulum sarcoplasmique qui mène à la libération des ions Ca^{2+} , qui activera les μ -calpaïnes impliquées dans la protéolyse musculaire. En revanche, le stress oxydatif par peroxydation lipidique produira du 4-hydroxy-2-nonetal (4-HNE), qui induit à la carbonylation de la protéine Hsp70, se transformant ainsi en un substrat de la μ -calpaïne. Cette hypothèse est en corrélation avec les résultats de Suman et al. (2006), qui ont indiqué que le 4-HNE pourrait affecter la couleur de la viande par la formation de plusieurs adduits avec des protéines musculaires qui modifieront la fonctionnalité de la protéine.

IV.3.4. Tendreté

Au cours des dernières années, plusieurs études ont porté sur l'étude du protéome et le muscle le plus étudié, *longissimus*, pour l'identification des différentes protéines responsables de la tendreté (Ouali et al. 2013; Picard et al. 2014; Gagaoua et al. 2021c). La plupart de ces études se sont basées sur différentes méthodes pour comparer des viandes dures et tendres, comme dans l'étude réalisée par Zapata et al. (2009), utilisant la SDS-PAGE et la protéomique fonctionnelle pour associer les bandes électrophorétiques des protéines myofibrillaires à la tendreté de la viande. Les résultats ont montré la présence de 6 bandes significatives, identifiées par électrophorèse et analyse statistique, séquencées par nano-LC-MS/MS. De plus, ces auteurs ont indiqué que les valeurs de force de cisaillement étaient associées aux protéines structurales, aux chaînes légères et lourdes de la myosine, de l'actine, de la desmine et de la tubuline ou leurs fragments. Marino et al. (2015) ont également étudié la protéolyse *post-mortem* dans les muscles *Psoas major* (Filet), *Longissimus dorsi* (faux filet) et *Semitendinosus* (rond de gîte), de la viande maturée 1, 7, 14 et 21 jours, en utilisant de la SDS-PAGE, Western blot et 2-DE. Tout au long de la maturation *post-mortem*, certaines protéines de structure ont changé d'intensité dans l'ensemble des échantillons analysés. Tandis que, les résultats de la Western Blot ont révélé que les bandes de desmine et de troponine-T ont été affectées par les effets musculaires et la maturation. En outre, la maturation *post-mortem* du muscle *Semitendinosus* n'a pas entraîné la même amélioration de la tendreté observée dans les muscles *Longissimus* et *Psoas*. Ce résultat a été appuyé par l'analyse de protéolyse, particulièrement celle de la dégradation de la troponine-T. Par ailleurs, cette analyse réalisée dans le muscle *longissimus* du bœuf, à l'aide de la 2-DE, a montré que plusieurs isoformes de troponine-T ont été fragmentés après 14 jours de maturation (Muroya et al. 2007). D'ailleurs, d'autres analyses de spectrométrie de masse des peptides ont révélé que les isoformes ont été clivés exclusivement dans la région terminale riche en acides glutamiques et les fragments de troponine-T ont produit le fragment de 30kDa dans le gel et qui pourrait être utilisée comme indicateur de l'attendrissement *post-mortem* de la viande bovine (Gagaoua et al. 2021f). Morzel et al. (2008) ont analysé le protéome du muscle *longissimus thoracis* de la race Blonde d'Aquitaine, pour l'identification précoce des biomarqueurs de la tendreté en utilisant la 2-DE et la LC-ESI-MS. Bien que, la succinate déshydrogénase ait été suggérée comme une excellente protéine potentielle pour prédire la tendreté initiale et globale, les protéines du choc thermique Hsp-27 et ses fragments sont bien corrélés avec les scores de l'analyse sensorielle, indiquant la possibilité que les mécanismes cellulaires liés à l'Hsp27 influencent la tendreté, proposant ainsi cette protéine comme biomarqueur potentiel de la tendreté du bœuf. Effectivement, les travaux récents de (Gagaoua

et al. 2021c), ont confirmé la robustesse de cette protéine grâce à une approche intégrative des études protéomiques de la littérature visant l'identification de biomarqueurs de la tendreté.

Les variations de la tendreté du muscle *longissimus thoracis*, chez les jeunes bovins Charolais examinées par Laville et al. (2009), en utilisant des analyses protéomiques des muscles durs et tendres par spectrométrie de masse, ont révélé la présence d'une plus grande quantité de fragments d'actine et des protéines des membranes mitochondriales internes et externes dans le groupe tendre à jour 0 *post-mortem*. De même, la fragmentation mitochondriale se produit pendant l'apoptose et les résultats de cette étude ont suggéré un rôle possible du processus apoptotique cellulaire dans l'attendrissement de la viande. (Muroya et al. 2007) et Jia et al. (2009) ont utilisé l'électrophorèse bi-dimensionnelle quantitative (2D-DIGE), pour évaluer les changements dans les chaînes légères de myosine des protéines myofibrillaires du longissimus pendant la maturation et pour l'identification des marqueurs protéiques de la tendreté de la viande. Des autres méthodes, iTRAQ et 2-DE ont été utilisées par Bjarnadóttir et al. (2012), afin de trouver des biomarqueurs potentiels de tendreté de la viande dans le muscle *longissimus thoracique* chez le bovin et de comparer les deux méthodes. Bien que le chevauchement entre les protéines sensiblement modifiées, était relativement faible entre l'analyse par iTRAQ et 2-DE, certaines protéines destinées à avoir la même fonction ont été trouvées dans les deux analyses et ont révélé des changements similaires entre les groupes, telles que les protéines de structure et les protéines liées à l'apoptose et au métabolisme énergétique. L'approche iTRAQ a également été utilisée par Mao et al. (2016), pour l'identification des protéines différentielles exprimées et qui sont impliquées dans les dépôts de gras intramusculaires.

Concernant la chèvre, très peu d'études protéomiques ont été réalisées à ce jour. Néanmoins, Jia et al. (2022) ont mené une analyse protéomique afin d'étudier l'impact du traitement thermique sur la tendreté de la viande de chèvre Hengshan, sachant que ce dernier induit des modifications dans les protéines de structure comme la dénaturation structurelle des protéines de la viande et affecte ainsi la palatabilité et l'acceptabilité. Les résultats de cette étude ont révélé les répercussions importantes de la viande de caprine sur la tendreté.

IV.3.5. Capacité de rétention d'eau

Au cours des dernières décennies, plusieurs études scientifiques ont eu un grand intérêt pour comprendre les mécanismes liés à la variation de la capacité de rétention d'eau (CRE) et identifier les biomarqueurs de protéines potentielles son explication. Dans presque toutes les études, il a été constaté que les protéines de structure et les protéines impliquées dans le métabolisme énergétique et le stress variaient selon la capacité de rétention d'eau. Les études

protéomiques étaient menées sur différentes espèces bouchères comme le bovin et le porc. Par exemple, Marcos and Mullen (2014), ont étudié la relation entre les changements de pression sur les protéines individuelles et les paramètres de qualité du muscle *longissimus thoracique* chez le bovin par le biais de l'électrophorèse bidimensionnelle. Ces auteurs ont rapporté que la solubilité des protéines myofibrillaires et l'insolubilité des protéines sarcoplasmiques dues à la pression, ont entraîné une diminution de la de la capacité de rétention d'eau avec une viande plus pâle et ont indiqué que les protéines sarcoplasmiques jouent un rôle essentiel dans la détermination de la de la capacité de rétention d'eau de la viande. De même, d'autres auteurs ont souligné le rôle des protéines sarcoplasmiques comme aldéhyde déshydrogénase, glycérol-3-P-déshydrogénase, protéine DJ-1, sérotransférine, émolase (ENO3), créatine kinase type M et protéine du choc thermique 70 kDa, sur la couleur de la viande et la perte en eau (Hwang et al. 2004; van de Wiel & Zhang 2007; Kwasiborski et al. 2008). D'ailleurs, Zuo et al. (2016) ont utilisé la protéomique pour identifier différentes protéines exprimées lors de la maturation *post-mortem* du muscle *longissimus lumborum* du yak et les ont classées par la suite en groupes à haute et à faible perte en eau. Une autre étude élaborée par Zuo et al. (2018) et qui a permis de comparer le profil protéomique du muscle *longissimus thoracis* du même animal (le yak), a classé à la cuisson, les groupes à faibles et à fortes pertes en eau. Les résultats ont montré que la perte à la cuisson pourrait être liée aux protéines de structure, aux enzymes métaboliques, aux protéines liées au stress et aux protéines de transport. Aussi, il y avait une expression importante de la desmine, troponine-T et L-lactate déshydrogénase. Di Luca et al. (2011) ont comparé l'abondance protéique de divers phénotypes de de la capacité de rétention d'eau, dans la viande de porc par l'utilisation de la SDS-PAGE durant différentes périodes *post-mortem* et ont identifié plusieurs associations entre les intensités des bandes protéiques, les fragments libérés et la de la capacité de rétention d'eau. Leurs résultats ont indiqué que des protéines comme HSP70, pourraient être utilisées à des fins industrielles par une approche d'analyse de données multivariées dans le panel de biomarqueurs pour la prédiction précoce de la qualité de la viande (Di Luca et al. 2013; Di Luca et al. 2016). En outre, grâce aux recherches de Zhang et al. (2019), 21 marqueurs protéiques faisant partie des protéines de structure, des enzymes métaboliques, des enzymes antioxydantes et des protéines de stress, ont été identifiés et associés à la CRE de la viande d'oie et leur abondance est différente entre les groupes à faible et à hautes pertes d'eau.

Dans une autre étude sur le poulet de chair, Desai et al. (2016) ont pu identifier 15 biomarqueurs protéiques, suite à l'étude du protéome de deux muscles, normal et PSE. Ces protéines dont l' α -actine, la chaîne lourde de myosine, la phosphoglycérate kinase, la créatine kinase type M, la β -émolase, l'anhydrase carbonique 2, la sous-unité α du protéasome, la

pyruvate kinase, le malate et la déshydrogénase étaient abondantes dans la viande PSE, tandis que, la phosphoglycérate mutase 1, la α -énolase, la 6-phosphofructokinase dépendante de l'ATP et le fructose 1,6-bisphosphatase, étaient plus présentes dans la viande normale. Ces données indiquent que l'abondance des protéines impliquées dans les voies glycolytiques, la contraction musculaire, la protéolyse, la régénération de l'ATP et le métabolisme de l'énergie dans la viande PSE, pourrait être liée aux différences de qualités entre la viande normale et PSE. Quant à la viande caprine, très peu d'étude protéomiques existent en relation aux pertes en eau de la viande. La seule étude identifié est celle de Wang et al. (2016), qui ont étudié les profils protéomiques du muscle longissimus de la chèvre par rapport à différentes protéines liées à la la capacité de rétention d'eau (CRE) de la viande. Ce travail a permis d'identifier 22 différentes protéines, qui étaient des enzymes métaboliques, des facteurs de réponse au stress et des protéines structurelles affectant la glycolyse, l'oxydation et la contraction musculaire. Ils ont conclu que la capacité de rétention d'eau (CRE) a probablement été produite par des protéines impliquées dans la glycolyse, l'oxydation et la contraction musculaire.

Objectifs du travail de thèse

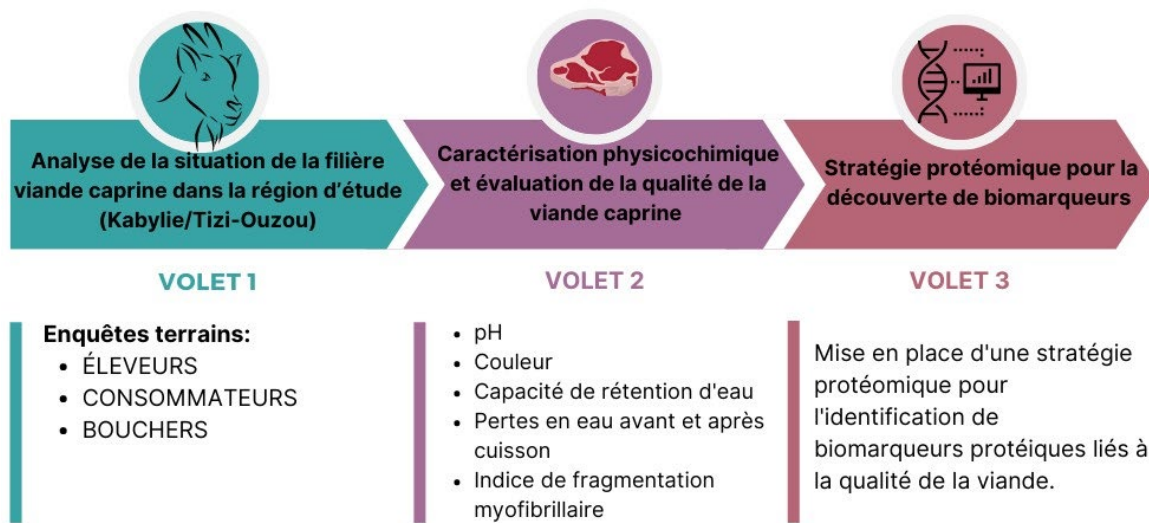


Figure 16. Les trois volets de la thèse : De la ferme d'élevage à l'analyse protéomique du muscle et l'identification de biomarqueurs.

Contexte et objectifs de la thèse

La viande est considérée comme la principale source de protéines pour l'alimentation humaine. Elle est également source de plusieurs nutriments indispensables pour une alimentation équilibrée. En Algérie, la viande provient de plusieurs espèces bouchères telles que la volaille, le bovin, l'équin, l'ovin, le caprin, le dromadaire, ainsi que d'autres sources. Le cheptel caprin algérien se caractérise par l'existence de différentes populations réparties sur divers localisations géographiques du pays. Cependant, la production caprine en Algérie peut être qualifiée de niche, car elle demeure encore traditionnelle mais pourrait offrir une alternative vers une production économique et écologique car l'espèce caprine est bien adaptée pour valoriser les ressources fourragères de faible valeur nutritionnelle et qui ne sont pas en compétition avec l'alimentation de l'homme. Généralement, la filière viande est considérée comme la succession de plusieurs d'étapes au cours desquelles s'effectue le passage progressif des animaux de boucherie, plus précisément de leur muscle, en viande et en produits carnés. Ce processus complexe dans le muscle post-mortem implique des changements physiologiques, biochimiques et structurels qui ont un impact significatif sur la qualité finale de la viande produite et sur son acceptabilité par le consommateur. Cependant, il est important d'étudier les facteurs *ante* et *post-mortem* liés à l'animal et au muscle, respectivement pour comprendre ces changements et améliorer la qualité de la viande produite, y compris dans le contexte Algérien.

Par ailleurs, la prédiction de la qualité de la viande caprine nécessite une compréhension approfondie des relations entre les caractéristiques musculaires et les phénotypes d'intérêts, et dans ce sens de nombreuses études ont été menées lors des dernières années sur la recherche et la validation de biomarqueurs de qualités de la viande issue de plusieurs espèces : le pH, la texture, la capacité de rétention d'eau, les pertes en eaux de la viande fraîche et après cuisson et de la couleur. Ainsi, l'étude de la production, consommation et distribution de la viande caprine algérienne s'impose. Ce projet de thèse a été en partie réfléchi dans ce contexte et vise à mettre en place une stratégie de caractérisation innovante, en utilisant les techniques – omiques, pour à la fois rattraper le retard cumulé au fil des décennies et relancer les recherches sur ce type d'animaux qui selon nos hypothèses jouera un rôle important dans les années à venir dans le développement durable et la création de la valeur ajoutée au niveau des localités productrices. De nombreux travaux de recherche ont été développés au cours des dernières années pour identifier des marqueurs biologiques ou biomarqueurs des qualités organoleptiques et sensorielles, en particulier de la tendreté. Cependant, la majorité de ces travaux sont focalisés sur la viande bovine, porcine, ou de la volaille, comme documenté dans le chapitre 4 de cette

thèse. Cependant très peu d'études ont été réalisés sur les biomarqueurs de qualités des viandes ovines et caprines. L'identification de nouvelles caractéristiques biologiques du muscle ayant une forte influence sur la qualité de la viande constitue un enjeu majeur pour la filière viande caprine Algérienne. Dans ce contexte, ce projet de thèse vise pour la première fois d'étudier la viande caprine algérienne, plus spécifiquement celle produite en montagne en région de Kabylie, en optant pour l'utilisation de nouvelles méthodes qualitatives innovantes basées sur les techniques omiques en vue d'identifier des biomarqueurs de qualité de sa viande (**Figure 16**). Notre démarche s'inspire des travaux antérieurs conduits majoritairement sur le bovin.

Ce projet de thèse doctorale a été conçu pour atteindre plusieurs objectifs spécifiques, qui se déclinent en trois volets très complémentaires. Lesquels sont étroitement liés et contribuent tous ensemble à atteindre les objectifs déjà tracés :

Volet 1 : Analyse de la situation filière viande caprine en Algérie, en ciblant la région de la Kabylie: caractérisation de la production, consommation et commercialisation à l'aide de la création de la première base de donnée statistique sur la filière viande caprine, puis une caractérisation via des enquêtes structurées menées auprès des principaux acteurs de cette filière, notamment les éleveurs pour identifier les modes et pratiques d'élevages appliqués, suivie d'enquêtes auprès des bouchers et les consommateurs, dans le but d'obtenir une meilleur compréhension de la commercialisation et la consommation de la viande caprine dans notre région d'étude.

Volet 2 : Caractérisation et évaluation de la qualité de la viande caprine produite en région de Kabylie, en ciblant la population locale « Naine de Kabylie » par l'étude de quelques paramètres physico-chimiques, technologiques et phénotypiques liés à la viande et à la carcasse à savoir le : le pH, la couleur, la capacité de rétention, pertes en eau avant et après cuisson ainsi que la texture par l'évaluation de l'indice de fragmentation myofibrillaire.

Volet 3 : Mise en place d'une stratégie protéomique de type shotgun visant l'identification de biomarqueurs protéiques liés à la qualité de la viande caprine en ciblant différents muscles, à savoir le muscle *Longissimus thoracis* (LT) et *Semitendinosus* (ST) de jeunes mâles caprins de la population Naine de Kabylie croisés avec la race Saanen.

Méthodologie et dispositif expérimental

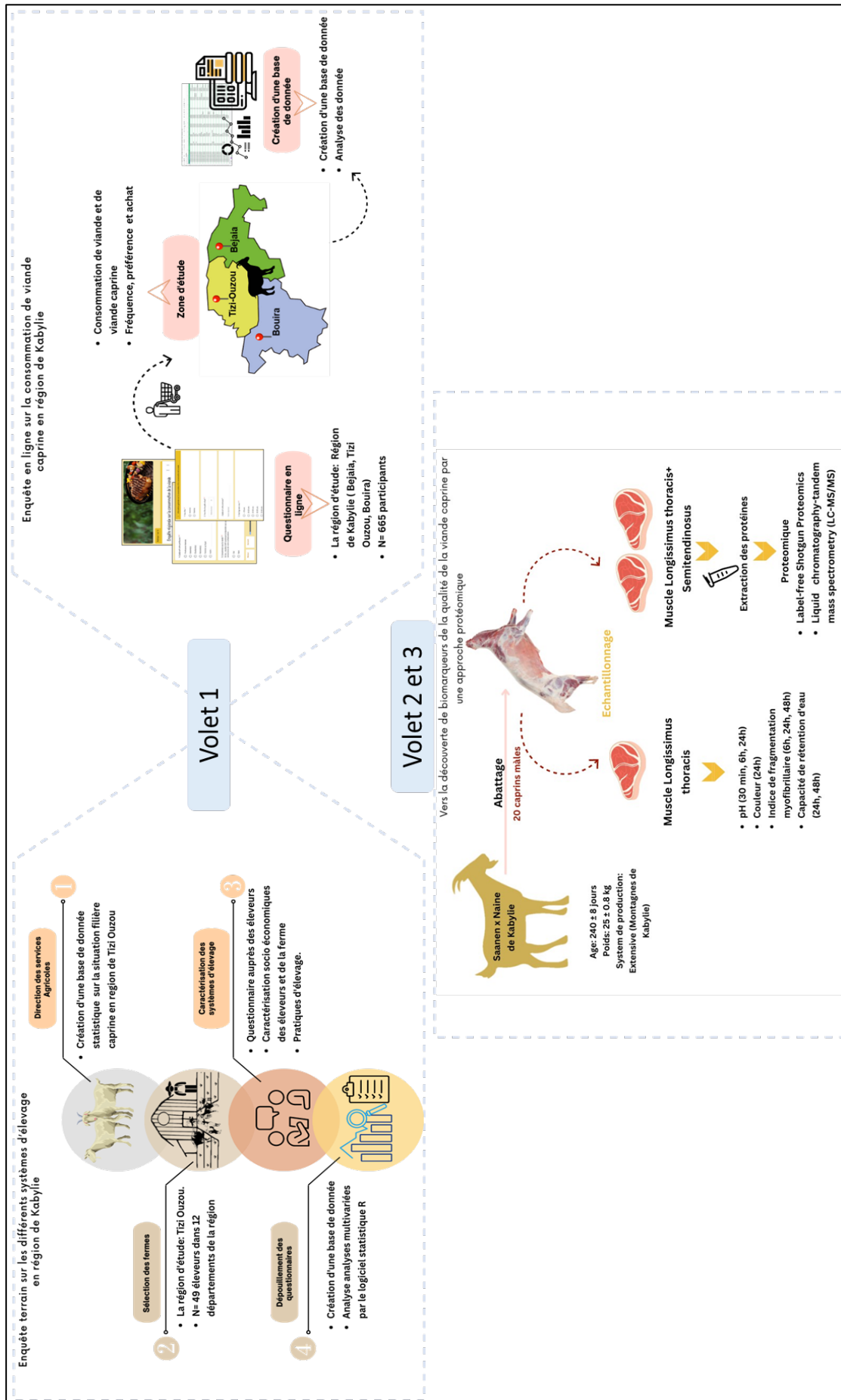


Figure 17. Schéma récapitulatif qui illustre les différentes parties de la thèse et les types d' animaux utilisés.

Volet 1 : Analyse de la situation filière viande caprine en Algérie

1. Caractérisation des pratiques d'élevage en région de Kabylie (Tizi Ouzou)

La compréhension et la maîtrise des pratiques d'élevage des caprins est un élément crucial pour garantir la qualité finale de la viande, notamment en ce qui concerne le développement musculaire, la teneur en matière grasse, la tendreté, le goût et la couleur de la viande produite. C'est dans cette optique que l'idée de réaliser une enquête terrain auprès des éleveurs a été mise en place. Préalablement, une base de données statistiques a été établie en collaboration avec les différents services agricoles de la région de Kabylie, permettant d'obtenir des renseignements pertinents et une vue globale sur la situation de l'élevage caprin dans cette région. L'étude terrain s'est concentrée sur la région de Tizi Ouzou et a sélectionné de manière aléatoire des fermes dans 12 départements de la zone d'étude, avec la participation de 49 éleveurs. Cette enquête s'est déroulée de décembre 2018 à juillet 2019 et, a permis de caractériser et d'identifier les différents systèmes liés à la production caprine dans la région. Les données ont été recueillies à l'aide d'un questionnaire structuré, comprenant une variété de questions à choix unique, multiple et ouvertes visant à recueillir des informations générales sur les caractéristiques essentielles de l'élevage caprin et du bien-être des animaux. Le questionnaire était reparti sur plusieurs axes (**Figure 17**) dont :

- Une caractérisation socio-économique des éleveurs et des bâtiments d'élevage regroupant les renseignements suivants : l'âge des éleveurs, leurs sexes, leurs formations, les caractéristiques de la ferme et le bâtiment d'élevage, ainsi que les motivations liées à l'élevage de caprins pour la caractérisation économique.
- Des informations générales sur la gestion des animaux et la composition du cheptel.
- Des informations sur les systèmes d'alimentation et de pâturage, ainsi que les systèmes prophylactiques. Les performances de production et de reproduction animales appliquées par les éleveurs.
- La commercialisation et les préférences des consommateurs.
- Les principaux problèmes rencontrés par les éleveurs et les perspectives proposées par ces derniers pour l'amélioration de l'élevage caprin.

Toutes les données recueillies ont été utilisées pour créer une base de données sur la situation actuelle de l'élevage caprin dans la zone d'étude et ont servi à d'autres analyses statistiques qualitatives et quantitatives, en utilisant le logiciel R (version 3.3.1). En plus des statistiques descriptives, une analyse de correspondance multiple (MCA) et une analyse de regroupement hiérarchique (HCA) ont été effectuées pour établir des typologies avec le paquet FactoMineR. Au total, 16 variables ont été choisies en fonction de leur importance dans les réponses recueillies auprès de 49 éleveurs caprins et de leur pertinence pour caractériser les systèmes de production caprine et la gestion des ressources selon différents clusters.

2. Consommation de la viande caprine en région de Kabylie

L'évaluation de la consommation de viande dans une région revêt une importance cruciale dans l'analyse initiale de la filière viande et constitue également un moyen de mieux appréhender les habitudes alimentaires d'une population ciblée. En Algérie, les études portant sur les habitudes de consommation et les perceptions de différentes sources de viande, y compris la chèvre, sont rares, ce qui est également le cas dans la région de Kabylie. Dans ce contexte, notre objectif initial était de caractériser la tendance de consommation des différentes sources de viande en Kabylie, avec un accent particulier sur la consommation de viande de chèvre, par rapport aux autres sources animales telles que l'ovin, le bovin, le cheval, le dromadaire et le poulet. Ainsi, nous avons mené une enquête en ligne structurée, en utilisant un questionnaire élaboré en français via Google Forms, qui a été diffusé en ligne sur diverses plateformes et adapté à partir d'échelles établies pour s'adapter au contexte de la recherche.

L'échantillonnage de commodité a été utilisé pour sélectionner les répondants des trois régions, à savoir Tizi-Ouzou, Bejaia et Bouira. Le questionnaire comportait deux grandes sections, l'une portant sur tous les consommateurs de viande et l'autre spécifique aux consommateurs de viande de chèvre. La première section portait sur les profils des répondants et leurs habitudes de consommation et préférences des six sources de viande, tandis que la deuxième section se concentrait sur les consommateurs de viande de chèvre et les raisons et fréquence de leur consommation, les attributs sensoriels comparées à d'autres sources de viande, les habitudes alimentaires, la perception et le comportement d'achat envers la viande de chèvre. Seuls les participants qui consommaient de la viande de chèvre ont été autorisés à poursuivre la réponse aux questions. L'objectif ultime de cette étude était de fournir un aperçu de la consommation de viande en général, et plus particulièrement de la consommation de viande caprine comparée aux autres sources de viande, ainsi que des préférences et des fréquences des consommateurs Kabyles.

On a pris en compte 665 réponses valides et exploitables après avoir vérifié toutes les données afin d'éliminer les répondants ayant répondu de manière statique. Les noms et les courriels des répondants ont également été examinés pour s'assurer que les mêmes individus n'ont pas participé au sondage à plusieurs reprises. Les données obtenues ont été réalisées à l'aide du logiciel statistique Microsoft Excel 2016, et la proportion de consommateurs pour chaque élément de recherche a été exprimée en pourcentage (%). Les graphiques ont été également élaborés avec le même logiciel.

Commercialisation de viande caprine

Un questionnaire visant les bouchers et abattoirs a également été élaboré dans le but de d'identifier :

- Les lieux d'approvisionnement des animaux et le type de transport utilisé.
- Les critères d'achat et caractéristiques des animaux abattus.
- Les conditions d'abattage, ressuage, stockage des carcasses et leur découpe ainsi que les conditions de commercialisation de la viande.
- Les pratiques de contrôle et gestion de la qualité de la viande et de sa transformation en produits dérivés.

Malheureusement, cette partie d'étude n'a pas pu être prise en compte en raison du manque d'informations recueillies et de leurs non-représentativité.

Volets 2 et 3 : caractérisation physico-chimique du muscle/viande et approche protéomique de la viande caprine et de sa qualité

Toutes les procédures expérimentales utilisées dans cet essai étaient conformes avec les directives algériennes pour le soin et l'utilisation des animaux. Les travaux de thèse se sont focalisés sur la population caprine répondue en Région de Kabylie. Notre travail expérimental a été réalisé sur vingt boucs ($n = 20$) de population caprine locale obtenue par des croisements de la race importée d'origine suisse, la Saanen (également appelée la race blanche) et la Naine de Kabylie également connue sous le nom de la Naine d'Afrique, une race autochtone des montagnes de Kabylie, élevée dans des systèmes de production extensifs.

1. Echantillonnage

Les procédures d'abattage et d'échantillonnage étaient effectuées sur des animaux âgés de 240 ± 8 jours et avec un poids de $25 \pm 0,8$ kg. L'ensemble des animaux ont été transportés la veille à l'abattoir et gardés pendant 24 h sous diète hydrique. Leur abattage a été effectué,

selon le rituel Halal sans avoir recours à l'étourdissement des animaux. Après l'habillage, les carcasses ont été ensuite fendues en deux moitiés égales le long de la colonne vertébrale pour faciliter l'inspection sanitaire *post-mortem*. Pour l'opération d'échantillonnage, nous opté pour le muscle *longissimus thoracis* qui est souvent choisi dans les études expérimentales, pour être connu comme un bon indicateur de qualité de la viande du fait qu'il soit riche en protéine et lipides et faible en collagène. En outre, la plupart des études sur la qualité de la viande sont effectuées sur ce muscle ce qui va nous faciliter la comparaison de nos résultats avec d'autres études. Les échantillons prélevés de la 6ème et la 9ème vertèbre thoraciques et immédiatement misent et transportés dans des boîtes de glaces isothermiques. Les différentes parties échantillonnées ont été par la suite placées dans des sacs en plastiques étiquetés sous vide et conservés à 4 ± 1 °C pendant 48 h. Les analyses ont été effectués pendant 3 périodes *post-mortem* différentes sur plusieurs paramètres de qualité :

- La mesure de pH : pH_{30min}, pH_{6h} et pH_{24h}
- L'indice de fragmentation myofibrillaire (IFM) à : 6 h, 24 h et 48 h *post-mortem*.
- La capacité de rétention d'eau (CRE) : perte en eau et perte en eau à la cuisson à : 24 h et 48 h *post-mortem*.
- La couleur : 24 h *post-mortem*.
- Analyse protéomique : des échantillons de 10 g ont été prélevés (avant la mesure du pH_{30 min}) et découpés en petits morceaux par des scalpels stériles, puis conservés à une température négative de -80 °C. Ces échantillons ont servi ultérieurement pour l'extraction des protéines musculaires en vue d'une analyse protéomique.

2. Méthodes

2.1. Mesure de pH

Les mesures du pH ont été effectuées pendant plusieurs périodes *post-mortem* : T30 (pH_{30 min}), T6 (pH_{6h}) et T24 (pH_{24h}) *post-mortem*. La prise du pH_{30min} a été effectuée directement sur la carcasse avant l'échantillonnage à l'aide d'une sonde pH-métrique. Pour les deux autres mesures à savoir, pH_{6h} et pH_{24h}, environ 1 g de muscle de chaque animal a été utilisé en triplet et mélangé à et mélangé à une solution tampon fraîchement préparée à froide contenant 5 mM d'iodoacétate du sodium et 150 mM de chlorure de potassium (KCl) à pH 7. Les échantillons ont été homogénéisés à l'aide d'un Polytron (modèle PT2100, Kinematica AG, Littan/Luzern, Suisse) pendant 15 secondes. La mesure du pH des homogénats a été établie par

insertion d'une électrode de pH-mètre (PHS-3CW microprocessor pH /mV meter, BANTE instrument). L'étalonnage du pH mètre a été effectué avec des tampons d'étalonnage acide et basique de 4 et 7 à 20 °C.

2.2. Détermination de la couleur

La détermination de la couleur a été effectuée selon les directives de l'American Meat Science Association (AMSA, 2012). Sur la surface des échantillons du muscle *Longissimus thoracis* à T 24 au moyen d'un colorimètre de type Minolta CR-400 (Konica Minolta, Japon) en utilisant l'illuminant D 65, l'angle de l'observateur de 10° et le diamètre de l'ouverture de 8 mm et une lampe de poche, avant la mesure de la couleur les échantillons ont été exposés à l'air pendant 45 min à 2-4 °C. La couleur a été déterminée selon le system CIE- L^*a^*b caractérisé par : la luminance (L^*), bleu-rouge (a^*) et de vert-jaune (b^*), puis déterminée en calculant la moyenne des valeurs mesurées sur 5 zones différentes prise au hasard en surface des échantillons exempte de stries de graisse ni de traces du sang.

2.3. Détermination de la capacité de rétention d'eau et perte en eau

La capacité de rétention d'eau a été mesurée à T24 h et à T48 h selon la méthode du papier filtre de Grau et Hamm (Grau & Hamm 1953) avec modifications concernant la détermination des zones à l'aide d'un logiciel d'imagerie. D'abord l'échantillon du muscle LT a été pesé (300 + 5 mg) et déposé sur un papier filtre Wathmann n°1 (Division laboratoire Whatman, Maidstone, Angleterre), préalablement séché et pesé (environ 0,81g). L'échantillon de viande a été placé entre deux plaques en verre, puis un poids de 2,25 kg a été appliqué pendant 5 min. Après cela, les zones de tache de viande en forme de cercle (M). Au lieu d'utiliser une méthode ancienne et peu précise telle qu'un planimètre (Grau & Hamm 1953) nous avons opté pour une méthode alternative déjà validée, basée sur l'analyse d'images (Hafid et al. 2016).

Pour ce faire, nous avons déposé le jus libéré (T) sur une feuille plastique transparente, puis nous avons pesé le papier filtre humide (D) après avoir retiré l'échantillon de viande comprimé à l'intérieur. Les aires de la tache de viande (M) et du liquide libéré (T) ont été mesurées à l'aide du logiciel Image J 1.48, qui est un logiciel libre. Nous avons simplement ouvert l'image scannée des aires reportées sur la feuille plastique transparente à l'aide du logiciel Image J, puis nous avons utilisé l'outil "freehand section" pour délimiter les aires. Ensuite, en appuyant sur "analyze" puis "measure", nous avons obtenu les surfaces en millimètres ou en pixels. Nous avons analysé cinq échantillons et calculé la moyenne des répétitions.

2.4. Détermination de la perte en eau à la cuisson

La détermination de la perte de cuisson a été évaluée selon le protocole décrit par (Honikel & Hamm 1994). Chaque échantillon de viande pesé (30 ± 2 g) a été emballé dans un sac en polyéthylène, puis placé dans bain marie thermostaté à $80\text{ }^{\circ}\text{C}$ pendant 45 min. Les échantillons cuits ont été laissé refroidir à température ambiante pendant 30 min, puis pesés à nouveau pour calculer le pourcentage (%) de perte de poids, qui est la différence de poids entre les échantillons cuits et crus. Cette mesure a été effectuée en triplicata. Les pertes en eau à la cuisson ont été calculées suivant la formule :

$$\text{Perte en eau} = \frac{P1 - P2}{P1} \times 100$$

P1 : Le poids initial de la viande avant la cuisson.

P2 : Le poids final de la viande après la cuisson.

2.5. Mesure de l'indice de fragmentation myofibrillaire (IFM)

Ce test a été réalisé en trois répétitions à selon le protocole modifié de (Hopkins et al. 2000). Le test consiste à homogénéiser 1 gramme d'échantillon musculaire dans 10 ml de tampon de rigueur (pH 7,0) contenant du KCl, du KH_2PO_4 , du MgCl_2 , de l'EGTA et du NaN_3 à l'aide d'un homogénéisateur Polytron. Après centrifugation, le surnageant a été éliminé et le culot était remis en suspension dans du tampon de rigueur, centrifugé à nouveau et le surnageant a été éliminé de nouveau. Le sédiment est ensuite remis en suspension dans du tampon de rigueur et filtré à travers un papier filtre, pour éliminer le tissu conjonctif et la graisse. Le filtrat a été conservé dans des tubes adéquats à $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$. La concentration en protéines de l'extrait protéique a été déterminée à l'aide du protocole Bradford, et la suspension a été diluée à une concentration en protéines de $0,5 \pm 0,05$ mg/ml. Enfin, l'IMF a été déterminé comme la valeur de l'absorbance de la suspension myofibrillaire mesurée à 540 nm à l'aide d'un spectrophotomètre UV et exprimée comme l'absorbance d'une solution de protéines myofibrillaires multipliée par 200.

2.6. Approche protéomique

Pour analyser et comprendre les protéines présentes dans le muscle *Longissimus thoracis* de la chèvre, une analyse approfondie sur l'approche protéomique a été mis en place à savoir :

2.6.1. Extraction et quantification des protéines musculaires

Le processus a consisté à extraire les protéines totales de biopsies du muscle LT prélevées 30 minutes après l'abattage de l'animal et conservées à -80 °C. Les protéines totales, y compris les protéines sarcoplasmiques et myofibrillaires, ont été extraites à partir de 150 mg d'échantillons de chaque individu en utilisant un protocole modifié de (Bouley et al. 2004). Le processus d'extraction a été effectué dans de la glace pour éviter la dégradation des protéines et, les protéines extraites ont été incubées à 4 °C pendant 15 minutes avant homogénéisation à l'aide d'un Polytron (modèle PT2100, Kinematica AG, Littan/Luzern, Suisse). Les homogénats ont ensuite été conservés dans de la glace en agitation pendant 25 minutes avant d'être centrifugés à $10\,000 \times g$ à 4 °C pendant 25 minutes pour éliminer les protéines insolubles, le tissu conjonctif, la graisse et d'autres débris. Le surnageant obtenu a été conservé à -80 °C en vue d'une analyse ultérieure, y compris la quantification, les analyses SDS-PAGE et la caractérisation du protéome. Pour quantifier les protéines totales, la méthode Bradford a été utilisée avec le kit de dosage des protéines Biorad, et l'utilisation de la BSA (l'albumine sérique bovine) comme étalon.

2.6.2. Préparation de bandes protéiques pour la protéomique shotgun à l'aide de l'électrophorèse monodimensionnelle SDS PAGE

La préparation des bandes de protéines pour la protéomique shotgun a été établie en utilisant l'électrophorèse SDS-PAGE unidimensionnelle. Le processus consiste en premier lieu à dénaturer les extraits de protéines du muscle LT en les mélangeant avec un tampon d'échantillon standard Laemmli deux fois plus concentré contenant du Tris, du glycérol, du SDS, du β -mercaptoéthanol et du bleu de bromophénol. Ensuite après passage au vortex et incubation, les échantillons ont été chauffés et chargés sur des gels de résolution à 12% et d'empilement à 4% à l'aide d'un système Mini-PROTEAN Tetra Cell. Les gels ont été soumis à une électrophorèse pour concentrer les protéines dans le stacking gel. Les bandes de protéines ont été lavées, colorées et extraites des gels à l'aide de scalpels stériles et jetables. Les bandes excisées ont été placées dans des tubes Eppendorf stériles et traitées pour les analyses LC-MS/MS. Ce processus permet de concentrer les protéines en une seule bande avant l'analyse, ce qui permet une analyse protéomique plus précise et plus efficace.

Afin de préparer l'analyse par chromatographie liquide-spectrométrie de masse en tandem (LC-MS/MS), les bandes de protéines ont d'abord été digérées à l'aide de Trypsine, puis analysées à l'aide d'un système Dionex UltiMate 3000 couplé à un spectromètre de masse

hybride Quadrupole-Orbitrap Q Exactive™ HF-X. Une colonne C18 a été utilisée pour dessaler les fractions peptidiques avant l'analyse LC-MS/MS. Les peptides ont été séparés en utilisant une méthode de gradient de 40 minutes à un débit de 300 nL/min. L'identification des pics des peptides et les fichiers bruts de LC-MS/MS ont été examinés et alignés sur la base de données de *Capra hircus* (chèvre). Les résultats de la recherche dans la base de données ont été examinés et exportés lorsque le taux de fausse découverte (FDR) du spectre peptidique et le niveau de correspondance des protéines étaient inférieurs à 1%. L'enzyme digestive a été réglée sur la trypsine pour rechercher les données de spectrométrie de masse dans la base de données d'extraction. Le nombre maximal de sites de clivage manquants a été fixé à 2, et les tolérances des ions précurseurs et des ions fragments étaient respectivement de 5 ppm et de 0,02 Da. L'aminométhylation de la cystéine était une modification fixe, et l'acétylation de l'extrémité N-terminale de la protéine ainsi que l'oxydation de la lysine et de la méthionine étaient des modifications variables.

2.6.4. L'analyse statistique

L'étude a utilisé le logiciel XLSTAT 2018.1.1 pour l'analyse statistique. Une méthode d'apprentissage non supervisée, l'analyse de regroupement hiérarchique (HCA), a été utilisée pour créer trois groupes de texture de viande (Low-Q, Medium-Q et High-Q) basés sur l'indice de fragmentation myofibrillaire (MFI). L'ANOVA à sens unique a été utilisée pour comparer les caractéristiques de qualité entre les groupes, et les protéines différenciellement abondantes (DAP) ont été considérées comme des biomarqueurs protéiques candidats. L'analyse en composantes principales (ACP) et l'analyse discriminante linéaire (ADL) ont été appliquées pour étudier la distribution et la séparation des groupes de qualité de la texture de la viande de l'IMF en utilisant les traits de qualité de la viande et les protéines DAP. Des corrélations de Pearson et des analyses de régression multivariées ont été réalisées en utilisant les protéines DAPs pour tester les corrélations entre les caractéristiques de qualité de la viande et les protéines DAPs, et pour identifier les biomarqueurs protéiques candidats les plus pertinents pour chaque caractéristique. Des analyses bioinformatiques ont été menées sur les protéines DAPs afin d'évaluer les principales fonctions moléculaires, les termes enrichis de la Gene Ontology (GO) et de construire les réseaux d'interactions protéine-protéine (PPI) à l'aide de la plateforme en ligne Metascape®.

Afin de mieux comprendre la transformation du muscle en viande nous nous sommes intéressés à la maturation du muscle *Semitendinosus* et évaluer les changements de protéines dynamiques chez la chèvre pendant la période post-mortem (lors de la transformation du muscle

en viande), en utilisant la protéomique à haut débit. Au même temps nous avons établie l'échantillonnage du muscle LT nous avons également échantillonné 24 biopsies du muscle ST de la partie distale ont été prélevés sur un côté aléatoire de chaque carcasse de chèvre à trois moments différents : 1 heure, 8 heures et 24 heures post- mortem. Environ 10 g de chaque échantillon ont été prélevés, coupés en petits morceaux, congelés dans l'azote liquide et conservés à -80°C jusqu'à l'extraction des protéines musculaires.

Mise à part l'évaluation des paramètres physicochimique des échantillons la même démarche protéomique qui a été utilisé pour le muscle LT a été appliqué pour le la caractérisation du muscle *Semitendinosus* (ST) de chèvre à l'aide de la protéomique Shotgun. Brièvement L'extraction des protéines musculaires a été réalisée à l'aide d'un tampon contenant 2 M de thiourée, 1,2 % de DL-dithiothréitol, 8 M d'urée, 1 % de Pharmalyte 3-10 et 2 % de CHAPS. La quantification des protéines totales a été réalisée à l'aide du kit de dosage des protéines Bio-Rad basé sur la méthode Bradford. Les extraits de protéines ont été dénaturés à l'aide d'un tampon d'échantillonnage standard Laemmli 2× concentré contenant 125 mM Tris (pH 6,8), 20 % v/v de glycérol, 4 % w/v de SDS, 10 % v/v de β-mercaptoéthanol et 0,05 % w/v de bleu de bromophénol. Enfin, une électrophorèse SDS-PAGE unidimensionnelle a été utilisée pour préparer les bandes de protéines pour la protéomique. En ce qui concerne le muscle st Le paragraphe décrit les analyses bioinformatiques réalisées dans une étude de (Kiyimba 2022). Tout d'abord, les interactions protéine-protéine (PPI) entre les protéines différentiellement abondantes (DAP) ont été analysées pour chacune des trois conditions temporelles post-mortem à l'aide de la base de données STRING. Les DAP ont été classées en huit fonctions moléculaires à l'aide d'une annotation manuelle.

Ensuite, l'analyse de l'enrichissement des voies a été étudiée à l'aide de Metascape, et les termes enrichis de la Gene Ontology (GO) ont été étudiés pour les trois listes de protéines DAPs ou pour toutes les protéines changeantes prises ensemble. Un réseau basé sur les termes GO enrichis a été généré, et un regroupement hiérarchique de cartes thermiques a été construit en utilisant les DAP entre 1 et 24h post-mortem au sein des protéines régulées à la hausse et à la baisse à 1h post-mortem. Les interactions protéine-protéine (PPI) entre les protéines différentiellement abondantes (DAP) ont été analysées pour chacune des trois conditions temporelles post-mortem à l'aide de la base de données STRING. Les DAP ont été classées en huit fonctions moléculaires à l'aide d'une annotation manuelle. Ensuite, l'analyse de l'enrichissement des voies a été étudiée à l'aide de Metascape, et les termes enrichis de la Gene Ontology (GO) ont été étudiés pour les trois listes de protéines DAPs ou pour toutes les

protéines changeantes prises ensemble. Un réseau basé sur les termes GO enrichis a été généré, et un regroupement hiérarchique de cartes thermiques a été construit en utilisant les DAP entre 1 et 24h post-mortem au sein des protéines régulées à la hausse et à la baisse à 1h post-mortem.

Résultats et discussion

Filière viande caprine en région de Kabylie

Characterization and multivariate typology of goat farming systems in Kabylia region in the North of Algeria

Melisa Lamri, Nassim Moula, Djamel Djenane & Mohammed Gagaoua

Soumis pour publication dans *Small Ruminant Research* (révision)

Résumé

Afin de mieux comprendre la dynamique des systèmes d'élevage caprin en région de Kabylie, une enquête a été menée auprès de 49 éleveurs. L'objectif de travail au travers d'une enquête terrain était de caractériser les différents systèmes d'élevage, en étudiant notamment l'impact de facteurs socio-économiques tels que l'âge, le sexe, le niveau d'éducation et l'expérience d'élevage ainsi que la diversité des pratiques d'élevage appliquées par les éleveurs. Les relations entre les caractéristiques socioéconomiques des éleveurs et les pratiques d'élevage ont ainsi fait l'objet d'une étude plus approfondie. Des analyses multivariées (correspondance multiple et analyse de classification hiérarchique) ont été appliquées pour déterminer les différentes caractéristiques des fermes et leur catégorisation en différentes typologies de production. Les résultats de l'enquête ont révélé que plus de 50% des éleveurs ont un niveau secondaire, suivi par ceux ayant un niveau postsecondaire (27%), tandis que seuls 6% des éleveurs étaient diplômés. Dans l'ensemble, cette étude a révélé que le nombre d'éleveurs illettrés était relativement faible (10 %). Les éleveurs caprin sont majoritairement des hommes (88%), qui ont en charge les tâches d'élevage. L'âge moyen des éleveurs était d'environ 40 ans. L'enquête a révélé que l'élevage caprin représente la principale source de revenu pour 49 % et sont utilisées pour l'autoconsommation (viande et lait) ainsi que pour les célébrations familiales. Plus de la moitié des éleveurs pratiquent un élevage mixte avec d'autres animaux (moutons, bovins, volailles, chevaux et ânes), tandis que 49% préfèrent se consacrer exclusivement à l'élevage de caprins. Le nombre de caprins par troupeau varie selon les éleveurs, mais la majorité (71%) a moins de 25 têtes. Les éleveurs en fonction de leurs pratiques de production ont été répartis en 4 groupes (clusters) typologiques, qui ont été décrits et comparés. Le cluster 1 regroupe 11 éleveurs et se caractérise par un « système extensif de production de caprins ou système pastoral ». Le cluster 2 regroupe 14 éleveurs et est décrit comme étant un « système d'élevage traditionnel amélioré ». Le cluster 3 regroupe 18 éleveurs et est décrit comme un « système d'élevage traditionnel amélioré ». Enfin, le cluster 4 regroupe moins d'éleveurs (n = 6), mais avec un plus grand nombre de caprins et est caractérisé comme un « système de production caprin intensif ». Dans l'ensemble, les principales différences entre les groupes étaient liées à la disponibilité et à l'utilisation des terres, la disponibilité et le type d'installations et d'équipement, le type ou le système de pâturage, les taux d'expansion et l'application des programmes préventifs de santé des troupeaux. Cette étude fournit des informations précieuses pour mieux comprendre les pratiques d'élevage caprins dans la région de Tizi-Ouzou en Kabylie.

Mots-clés : Chèvre, pratiques d'élevage durables, caractéristiques socio-économiques, typologie multivariée, clusters

1 Characterization and multivariate typology of goat farming systems in Kabylia region 2 in the North of Algeria

3
4 Melisa Lamri ¹, Nassim Moula ², Djamel Djenane ¹ and Mohammed Gagaoua ^{3,*}

5
6
7
8 ¹ Laboratoire de Qualité et Sécurité des Aliments, Université Mouloud Mammeri, Tizi-Ouzou 15000,
9 Algeria

10
11 ² Fundamental and Applied Research in Animal and Health (FARAH), Department of Veterinary
12 Management of Animal Resources, Faculty of Veterinary Medicine, University of Liege, Liege 4000,
13 Belgium

14
15
16 ³ PEGASE, INRAE, Institut Agro, 35590 Saint-Gilles, France

17
18 * Corresponding author: mohammed.gagaoua@inrae.fr
19
20
21

22 Abstract

23
24
25 With the aim of better understanding the dynamics of goat breeding systems a face to face survey
26 was conducted with 49 breeders. This work aimed to characterize the breeding systems in Kabylia
27 region, with a specific investigation on the potential of socioeconomic factors such as age, gender,
28 level of education, and breeding experience on the rearing practices applied by the farmers. The
29 relationships between breeder socioeconomic characteristics and husbandry practices were further
30 investigated. Multivariate analyses (multiple correspondence and cluster) were applied to
31 determine the different farm characteristics and their categorization into different production
32 typologies. The results revealed that more than 50% of the breeders have a secondary school level,
33 followed by those having a post-secondary school (27%), while graduate breeders represent 6%.
34 Overall, this study revealed a lower proportion of illiterates' breeders (10%). Goat breeders are
35 mostly men (88%), since they are the principal breeders responsible for herding tasks. The average
36 age of breeders was around 40 years. The survey revealed that goat breeding represents the primary
37 source of income for 49% and used for self-consumption (meat and milk) and family celebrations.
38 A substantial number of the breeds (51%) follow a mixed breeding with the presence of sheep
39 followed by others (cattle, poultry, and sometimes horses and donkeys), while 49% prefer keeping
40 only goats. The number of goats per herd varies according to the breeders and the majority of the
41 breeders (71%) have less than 25 heads. The farmers based on their production practices were
42 allocated into 4 typology clusters, which were described and compared. The cluster 1 grouped 11
43 farmers and is characterized as “extensive goat production system or pastoral system”. The cluster
44 2 grouped 14 farmers and described as an “improved traditional farming system”. The cluster 3
45 grouped 18 farmers and designed as “improved traditional livestock system”. The cluster 4 grouped
46 fewer farmers (n = 6) but with higher number of goats and is characterized as an “intensive goat
47 production system”. Overall, the main differences were evident on land availability and use, facility
48 and equipment availability and type, grazing type or system, expansion rates, and application of
49 preventive flock health programs. Taken all together, this study provides valuable information to
50 better understand the practices undertaken regarding goat farming in Tizi-Ouzou region in Kabylia.
51

52
53
54
55
56
57
58 **Keywords:** Goat, sustainable breeding practices; socioeconomic characteristics; Multivariate
59 typology; clusters.
60
61
62
63
64
65

43 1. Introduction

1
2
3 44 Goats (*Capra hircus*) are highly valued animals for their versatility including their ability to
4
5 45 tolerate harsh climates, good drought recovery capacity, suitability for poor systems due to small
6
7 46 size and grassland capacity. They are among the earliest small ruminants to be domesticated by
8
9
10 47 humans and used for many purposes as a source of meat, milk, fiber, leather and other valuable
11
12 48 related services Casey and Webb (2010). The domestication of goats had a profound impact on
13
14
15 49 human history, making them an essential part of many societies and cultures around the world
16
17 50 because of their ability to adapt wildly to diverse and harsh environmental conditions such as water
18
19
20 51 and heat stress, and drought conditions thanks to their resilient metabolic properties and their ability
21
22 52 to keep water (Luikart et al., 2001; Salama et al., 2014; Usai et al., 2006). Goats are not only a
23
24 53 valuable source of food and other products, but they are also known for their social roles (Miranda-
25
26
27 54 de la Lama & Mattiello, 2010). In recent years, worldwide goat production has seen a significant
28
29 55 increase (Miller & Lu, 2019; Tefiel et al., 2020), highlighting an economic importance. Therefore,
30
31
32 56 goat farming has become increasingly important for national economies and a key factor in
33
34 57 economic development, particularly in rural areas. Due to the acceleration of population growth,
35
36
37 58 the application of new techniques and taking advantage of animals with zootechnical interests, such
38
39 59 as goats, is more than needed (Chetroiu et al., 2013; Kaumbata et al., 2021). Indeed, the livestock
40
41
42 60 sector is characterized by different breeding systems that must well characterized, before promoting
43
44 61 the implementation of a sustainable development policy (Rajala et al., 2021; Ruiz et al., 2008).

45
46
47 62 In Africa, small ruminants including goats have been a longstanding tradition in the animal
48
49
50 63 production culture and has always been a part of north African breeders (Saidani et al., 2019). They
51
52 64 further contribute to sustainable livelihoods and poverty alleviation through rising family incomes
53
54
55 65 (Djagba et al., 2020; Gnanda et al., 2016). In these countries, goats are mainly held by smallholder
56
57 66 farmers and kept in extensive agroecological conditions and rural production systems (Casey &
58
59
60 67 Webb, 2010; Mataveia et al., 2019). In Algeria, goat farming is also one of the oldest animal
61
62
63
64
65

68 production activities, but it has been neglected and received a few scientific interests. It is further
1
2 69 marginalized by the breeders (Ouchene-Khelifi et al., 2018), even though it plays a real partaken
3
4 70 in the generation of incomes for the goat keepers (Alary et al., 2011). Despite its numerous
5
6 71 advantages, goat farming is still primarily considered as an input-based livestock system
7
8
9 72 (Boyazoglu et al., 2005). According to the Food and Agriculture Organization (FAO) statistics
10
11 73 from 2019, the goat population in Algeria has reached 5 million, allowing to produce on average
12
13
14 74 18.8 thousand tons of meat and 253 thousand tons of goat milk. Among the native goat breeds that
15
16 75 are distributed in the different Algerian areas, we can mention four of them. These are *Arbia*
17
18
19 76 considered as the largest population mostly present in steppic regions, *Naine de Kabylie* present in
20
21 77 the mountainous regions of Kabylia in the North of the country, *M'zabite* present in the northern
22
23 78 part of Sahara and *Mekatia* dominating in the areas between the steppic and Saharian region
24
25
26 79 (Ouchene-Khelifi et al., 2015). However, in the last years, there has been a notable rise in imported
27
28 80 breeds such as Saanen, Alpine, Murcia, Chami, as well as their crossbreeds, which are becoming
29
30
31 81 prevalent and taking more place than the indigenous goats due to their high productivity and
32
33 82 economic interests (Laouadi et al., 2020; Laouadi et al., 2018). Despite this trend, there have been
34
35
36 83 few studies that focused on goat farming in Algeria, where the main studies focused on the morpho-
37
38 84 biometric characterization, identifying populations of distinct breeds (or populations) in the
39
40
41 85 respective study areas and describing their characteristics (Dekhili et al., 2013; Laouadi et al.,
42
43 86 2020). These studies have helped to better understand the unique characteristics of each breed and
44
45 87 their potential impact on the goat industry in Algeria.

46
47
48
49 88 This study was therefore undertaken to shed light on the breeding systems in Algeria and provide
50
51 89 valuable insights into the ways that would enhance goat production with a particular emphasis on
52
53
54 90 Tizi-Ouzou region from the Kabylia region. Thus, this study aimed to achieve several objectives.
55
56 91 First, to gather together all the basic information about the state of goat keeping and the diversity
57
58
59 92 of breeding systems used. To profile and characterize the farms and the rearing practices applied
60
61 93 by goat breeders along the production objectives and their contribution in household's livelihoods.
62
63
64
65

94 We further aimed to identify the main breeds comprising the different goat herds and analyze the
1
2 95 feeding and health care practices. Finally, we aim to understand the constraints and the challenges
3
4 96 impeding goat productivity and the difficulties faced by farmers, to propose potential
5
6 97 improvements for the future of goat farming in Kabylia region.
7
8

10 98 **2. Materials and Methods**

13 99 **2.1. Study area**

16
17 100 The study was carried out in Tizi-Ouzou province, the central region of Kabylia. This coastal
18
19 101 region is situated in the northern central part of Algeria, with a latitude of 36° 43' 00"N and a
20
21
22 102 longitude of 4° 3' 00" E. The average altitude of the region is approximately 550 meters, and it is
23
24 103 situated approximately 100 kilometers east of the capital city, Algiers. The province boasts a 70-
25
26 104 kilometre coastline along the Mediterranean Sea. Tizi-Ouzou province covers an area of 2,994
27
28
29 105 square kilometers, with a low population density of 32%. Rugged mountainous areas characterize
30
31 106 the region called the Djurdjura Mountains, which comprise 82% of its territory. Despite its
32
33
34 107 mountainous areas, the region presents a high agricultural potential, which makes it an excellent
35
36 108 place to hold small ruminants such as goats (Ouahiba & Arezki, 2010).
37
38

39
40 109 Our field study was conducted in multiple departments in Tizi-Ouzou. Through collaboration
41
42 110 with Agricultural Services, we aimed to gather relevant information about goat breeding/farming
43
44
45 111 in the province of Tizi-Ouzou. Based on that information, we randomly selected 49 farmers from
46
47 112 11 districts who gave their agreement to participate and to be a part of this research. Our study was
48
49
50 113 carried out from December 2018 to July 2019 in 13 departments of the study area to characterize
51
52 114 and identify the different breeding systems, as highlighted in (Figure 1).
53
54

55 115 **2.2. Data collection**

116 The data were collected using a structured survey that covers a variety of closed and open
117 questions aiming to gather information on the essential farming characteristics: 1) collecting
118 information about the farmers and farm characteristics, the purpose of goat keeping for the socio-
119 economic characterization; 2) animals' management and herd composition; 3) information about
120 feeding and grazing systems, and health care of the animal; 4) productive and reproductive
121 performances applied on the animals by the farmers; 5) commercialization type and consumer
122 preferences; and finally 6) information about the main problems faced by the farmers and the
123 prospects for improving goat farming. All the data collected served to a creation a large database
124 about the goat farming situation in the study area and used to for further qualitative and quantitative
125 statistical analyses.

2.3. Statistical analyses

126 All statistical analyses were performed with R software (version 3.3.1). In addition to descriptive
127 statistics, multiple correspondence analysis (MCA) and hierarchical clustering analysis (HCA)
128 were performed to establish typologies with the FactoMineR package (Lê et al., 2008). A total of
129 16 variables were selected based on their importance from the responses collected from 49 goat
130 farms and their relevance to characterize the goat production systems and resource management
131 (Table 1).

3. Results and discussion

3.1. Farm and farmers' socio-economic characterization

132 The variables related to the socio-economic characterization of the goat keepers are presented
133 in Table 2. Out of the 49 interviewed farmers (goat keepers), all of the respondents revealed
134 owning their farms. Almost all the farms of different provinces of the study area were headed by
135 men (88%), and only (12%) were female. This could be due to the fact that animal farming is
136 generally an activity attributed to men, especially in the mountainous rural areas but women still

140 contribute reasonably to this activity. The masculine predominance was similarly reported in earlier
141 studies from the Kabylia region (Kadi et al., 2014; Moula et al., 2017). Previous other studies from
142 Cuba and Mozambique about the characterization of different smallholders (goats) production
143 systems reported a male predominance (Gispert Muñoz et al., 2019; Mataveia et al., 2019). Unlike
144 other studies that convened a dominance of females in goat breeding (Dosseh et al., 2021), this
145 involvement could be related to the sharing responsibilities among the family members (Fikru &
146 Gebeyew, 2015).

147 Age range was found to be variable (**Table 2**). A total of 63% of the farmers are aged more than
148 40 years old and 33% were in their thirties, while a minority (4%) were under 30 years. This
149 variation of age is not related to the distribution of the breeders in the study area. The fact that the
150 majority are above their 40s reflects experience in animal production, with or without training,
151 while the low percentage of young people under 30 years of age may be due to the orientation of
152 young people to other more remunerative jobs than animal production, as reported in other studies
153 (Khelifi & Ouchene, 2021). In general, it is known that the farmers more involved in goat breeding
154 are likely to be the middle aged farmers (Dossa et al., 2015).

155 In the case of our study area, the education level of the farmers was concentrated between
156 farmers who has a level between secondary and post-secondary school (78%). Few attained a
157 primary school (6%) or a university level (6%), while the others (10%) were illiterate. The
158 proportion of illiterates is lower compared to those reported in the Algerian steppic regions: in
159 Laghouat by 44.3% (Laouadi et al., 2018) and M'Sila by 60% (Hadbaoui, 2013). It is obvious that
160 the education level of the farmers is a significant parameter in the production systems as it impacts
161 directly farmers behaviors and knowledge towards the different breeding practices (Rahadi et al.,
162 2020). Another study reported the low level of education of the farmers in Tunisia (Nafti, 2021).
163 Generally, the farming knowledge of the farmers is gained from their own experience or from their
164 parents. The majority of them consider it as a legacy (80%) and a traditional practice; and only a

165 few of them had specialized training (4%), generally organized by the local management of
166 agricultural services of each region. The possible causes of the low productivity problem can be
167 attributed to several issues, for instance to the low level of education in the sector. Nevertheless,
168 several other factors may also be at the origin of the low productivity of livestock, such as bad
169 weather conditions – Livestock dependence on rainwater has often negatively affected the
170 production of animal products –, lack of modernization in the sector, and diseases (Abdallah et al.,
171 2019; Kdidi et al., 2021). Moreover, limited grazing land and scarcity of feed resources, disease
172 outbreaks resulting in high mortality and poor housing can be other factors reported for goat
173 farming in Africa (Dossa et al., 2007).

174 For a better understanding of the importance of goat production in generating income, our survey
175 revealed that goat breeding represents the primary source of income for 49% of them and 51% had
176 parallel activity in private or public sectors (**Table 2**). Thus, for this second category of breeders,
177 income from goat breeding is complementary. In addition, the farmers highlighted many purposes
178 of holding goats, and among the most reported we mention milk sale (51%) and, or meat (27%) but
179 also often by selling the live animals or their kids to make income. The contribution of goat
180 production in the alleviation of the livelihood and food security of these farmers was already
181 reported by various studies (Mataveia et al., 2019; Ouchene-Khelifi et al., 2015; Peacock, 2005).
182 While, 39% of the respondents consider goat breeding an ancient tradition that should always be
183 preserved for future generations, our results are in agreement with other findings, for instance from
184 rural areas of the Nile Delta in Egypt (Abdallah et al., 2019). For this group of breeders, goat
185 breeding is exclusively planned for self-consumption (meat and milk), family celebrations and for
186 economic purposes. Because of their small size, slaughtered goats are entirely consumed in few
187 days by all family members, without the risk of deterioration due to the lack of refrigeration
188 facilities. Always in the same idea, the top-ten countries producing goat meat are all in developing
189 countries located in Africa and Asia; indicating the importance of goat meat to people in resource-

190 poor zones, of which the majority is produced and consumed locally within households (Aziz,
191 2010; Dubeuf et al., 2004).

192 The survey revealed that 61% of goat farmers are taking the householding responsibility alone,
193 while 35% of them shared this responsibility with the family members and 4% use outside labor.
194 In fact, the implication of family members needing laborers depends on the herds' sizes. Goats have
195 the potential to reduce poverty in various countries of the world due to the role they play in food
196 security (Peacock, 2005), and in some communities the goat farming is considered as a sign of
197 wealth (Hadjigeorgiou, 2011; Saico & Abul, 2007).

198 **3.2. Goat flocks' characteristics**

199 In Algeria, goats are the third most important livestock species after sheep and cattle. Over 95%
200 of the world's goat population is kept in developing countries, of which 64% are found in rural arid
201 and semi-arid agro-ecological areas (Rumosa Gwaze et al., 2008). Globally, and over the past
202 decade, there had been an increase in goat production and there are currently over a billion goats,
203 and Africa contributes approximately by 36% of global production (Mazhangara et al., 2019). This
204 study revealed that 51% of the breeders has opted for mixed breeding with the presence of sheep,
205 cattle, poultry, and sometimes even with horses and donkeys, while the others (49%) prefer keeping
206 only goats (**Table 3**). Generally, goat husbandry mixed with sheep is the widely used practice in
207 traditional farming systems (Hossain et al., 2015), which is also a common practice in Kabylia
208 region (Ouchene-Khelifi et al., 2015). Overall, our results are higher to the 35% of breeders
209 reported in other studies that exclusively raises goats in their farms (Bencherif, 2011; Madani et
210 al., 2013; Moula et al., 2017). The mixed crop-livestock system is also used in Algeria and more
211 particularly in Hoggar and Tassili. This system is characterized by the breeding of livestock (cattle,
212 poultry, rabbit, and sheep). All the animals provide the manure necessary for the fertilization of
213 agricultural soils while the animals in return benefit the farmer during the period of food shortage.

214 The main goat breeds or populations reared by the farmers were variables. Previous studies
1
215 showed some interactions between breed and rearing system on products quality (Ripoll et al.,
3
416 2021). Researchers suggest that livestock breeders focus on the choice of breed and breeding
5
617 system to produce the quality carcasses demanded by a competitive market in the case of meat
7
818 (Daskiran et al., 2018; Marsoner et al., 2018; Mohlatlole et al., 2015; Peacock et al., 2011). In
10
1119 Algeria and Kabylia region, the purpose of use is mostly for milk production. Generally speaking,
12
13
1420 the Algerian goat herd presents a good level of genetic diversity (Tefiel et al., 2018) and often
15
1621 associated with diversity of breeding methods, however, and to the best of our knowledge very few
17
1822 descriptions of their populations and genetics have been provided to date. Within the surveyed
19
20
21223 farmers, the herd represents few local goat breeds such as the *Arbia*, the *Naine de Kabyle* or the
22
23224 *Makatia*. A significant number of them were imported European breeds represented mainly by
24
25
26225 Saanen and to a lesser extent Alpine, known for their high milk yields. We can also observe a mixed
27
28226 group of uncontrolled or controlled crossbreeding local breeds with imported breeds. This is due
29
30
31227 for this last case to the fact that the *Naine de kabylia* breed is not profitable in terms of productivity
32
33228 for both meat and milk, so the breeders have this tendency to crossbreed for genetic amelioration
34
35229 (Kadi et al., 2014; Moula et al., 2017). This is in fact alarming in terms of the loss of the local
36
37
38230 animal genetic resources.

41
42231 Our results showed that the number of goats per herd varies according to the breeders (**Table**
43
44232 **3**), and the majority of the breeders (71%) have less than 25 heads. The other minor parts are
45
46233 characterized by medium flock size ranging 25 to 100 heads (22%) and 6% of the farmers that had
47
48
49234 largest flocks composed of more than 100 heads. In addition, and as represented in **Figure 2**, there
50
51235 are less than ten breeders who have a homogeneous composition of their herds with high effective
52
53
54236 of all the category of animals. This shows that the potential breeders represent this category.
55
56237 However, there is a remarkable dominance of Does (Goats > 6 months) even in the smallest flocks,
57
58
59238 unlike the bucks, which are generally absent or minor in the small flocks. This is mainly related to
60
61239 the use of bucks for insemination. Therefore, some of the farmers prefer using buck services from
62
63
64
65

240 their neighbors which is consistent with earlier results reported in an Ethiopian study (Abraham et
1
241 al., 2017). This indicates that the Does remains in the flock for reproduction and milk production
3
4242 purposes, while the male is generally directed to meat production. One of the other reasons for the
5
6243 weak presence of large flocks is due to the Peste des petits ruminant (PPR) disease considered as
7
8244 goat plague, which is the most fatal infectious viral disease for small ruminants, which
10
11245 unfortunately touched the animals in the period of our study. Thus, the size of the flocks have been
12
13246 significantly reduced. Generally, the genetic erosion of the national herd and the lack of
14
15247 information on the genetic and phenotypic characteristics of the goat breeds, mainly due to cross-
17
18248 breeding with imported European and commercial breeds, with the possibility of low resistance or
19
20249 less resilient compared to the autochthonous breeds and the emergence of destructive diseases. The
22
23250 main abortive diseases in goats in Algeria are brucellosis and toxoplasmosis, among others (Gabli
24
25251 et al., 2015; Haif et al., 2021). For example, authors found that the Toxoplasmosis, due
27
28252 to *Toxoplasma gondii*, is one of the major parasitic causes of reproductive failure associated with
29
30253 abortion in female goats in Tebessa, northeastern Algeria (Ait Issad et al., 2020). Taking into
32
33254 consideration that some of these diseases are zoonoses, breeders must take imperative
34
35255 precautionary hygiene measures to reduce the prevalence of these infections and, therefore,
37
38256 diminish economic loss and may cause public health risks in Algeria.

41 4257 **3.3. Feeding, health and breeding practices**

43
44
45258 As reported in **Table 3**, the majority of the farmers (90%) feed their goats on pasture, with
46
47259 traditional supplementary feeding. This type of feeding is widely practiced in Algeria (Kadi et al.,
48
49
50260 2014; Laouadi et al., 2018; Moula et al., 2017). This sustainable practice reduces production costs
51
52261 and allows farmers to rationalize their resources. The supplements mainly comprise fodder, hay,
53
54
55262 straw, organic kitchen waste, tree leaves, and crop residues. Few farmers use commercial feeds or
56
57263 certain cereals such as wheat and barley. Feeding may be one of the largest expenses of any goat
58
59
60264 operation. The farmers revealed major feeding constraints were the lack of forage and the high cost

265 of animal feed, fiber and concentrates. The manner how goats are reared in Kabylia region is shown
1
266 in few photos reported in **Figure 3**. The graph highlights the diversity of practices applied by the
3
467 farmers from extensive to intensive productions systems, with sometimes a mix of both depending
5
668 on their facilities, capacities and means.

8
9
1069 As stated above, goats, despite being strong, they can be sensitive to certain diseases (Dudek et
11
1270 al., 2022; Kardjadj, 2017; Kitching, 2003), the most common ones in goat farming in Algeria are
13
14
1571 diarrheal diseases, pneumonia, abortive diseases (brucellosis, toxoplasmosis, chlamydia,
16
1772 Encephalitis Virus (SGEV), Q fever, Rift Valley fever, and blue tongue), parasites (external and
18
19
2073 internal) and skin diseases. The Algerian authorities have carried out a large-scale vaccination
21
2274 campaign against the main diseases of small ruminants such as goat. As shown in **Table 3**, most of
23
24
2575 the farmers deworm and vaccinate their goats. It should be noted that the Algerian government
26
2776 subsidizes a national vaccination campaign for small ruminants against PPR. According to our
28
29
3077 results, around 35% of breeders are reluctant to receive this vaccination even though it is taken in
31
3278 charge by the government veterinary services.

35 36 37 38 39 34 3579 **3.4. Typology of goat farming systems in Kabylia region**

39
40
41281 Multiple correspondence analysis was applied to the 16 most important identified variables with
42
43
44282 modalities (**Table 1**). The first three factorial components accounted for 30.04% of the total
45
46283 variability (12.13%, 9.31%, and 8.60%, respectively). The bi-plot of these components are depicted
47
48
49284 in **Figure 4**. The variables most contributing to the construction of the first three axes and their
50
51285 significance are summarized in **Table 4**. The variables most contributing to the first dimension are
52
53
54286 grazing followed, but with tendencies ($P < 0.1$), by feeding system, crossbreeding, male changing
55
56287 frequency and house holding Age. The main variables contributing to the second dimension were
57
58
59288 in their order of significance animal litter, controlled mating, deworming, and grazing. Four other
60
61289 variables were tendencies these being disinfection, cohabitation and vaccination. For the third
62
63
64
65

290 cohabitation and dietary supplementation. Other variables were tendencies and these were
1
291 disinfection frequency, livestock specialization, Feeding system and deworming. Taken all
3
4292 together, grazing is the only significant and common variable to the three dimension. On another
5
6293 hand, house holding surface and herd size were not contributing factors in any of the dimensions.
7
8
9

10294 The hierarchical classification led to the identification of four clusters characterizing the
11
12295 typologies of goat farming in Kabylia region (**Figure 5, Table 5 and Table 6**). Further details of
13
14
15296 the distribution of the farmers in the four clusters by modalities are given the **Supplementary**
16
17297 **Table 1**.
18
19

20
21298 The cluster 1 grouped 11 farmers (22% of the total). It is characterized as “extensive goat
22
23299 production system or pastoral system”. The absence of investment and inputs is the main
24
25300 characteristic of this production system (practice typology). For most breeders in this group (8/11),
26
27
2801 feeding is based on grazing/pasturage and a limited supplementation with organic waste from
29
30302 kitchen, crop residues, and leaves of some trees such as elm, ash, and olive trees. Worthy to mention
31
32
33303 that two breeders in this group feed their goats exclusively on pasture. The goats are driven to the
34
35304 fields, often by children or elderly people (a common practice in rural regions like Kabylia). The
36
37
3805 selective and opportunistic grazing behavior of goats allows them to meet their food needs in the
39
4006 complex soil and climate conditions of Kabylia. Earlier studies reported that goats are usually
41
42
43307 associated with traditional production systems with low externalities (Alexandre & Mandonnet,
44
4508 2005). Ten of the eleven farmers have a house-holding area of 100 to 500 m², and all the farmers
46
47309 have less than 25 goats, and 8/11 of them and in addition to their goats, raise other animal species
48
49
5010 (sheep and poultry). The majority (10/11) of the breeders interviewed confirmed that their breeding
51
52311 is not specialized. For some time now, the trend in Kabylia region has shown a renewed interest in
53
54
55312 systems that combine plant and animal production. Polyculture-livestock farming is therefore seen
56
57313 as a method of technical intensification to improve the income of the agro-pastoralists by limiting
58
59314 the purchase of inputs (Jayet et al., 2020). Concerning the prevention of pathologies, 10/11 of the
60
61
62
63
64
65

315 breeders never disinfect the breeding installations, and only six vaccinate their animals. This group
1
2 316 practicing traditional husbandry corresponds to the practices described in previous studies for the
3
4 317 majority of goat farms in the Kabylia region (Moula et al., 2017). Small flocks are often raised with
5
6 318 sheep whose breeding objective is mixed, producing kids for sale and milk for self-consumption.
7
8

9
10 319 The cluster 2 grouped 14 farmers (29% of the total). This cluster represents an “improved
11
12 320 traditional farming system”. For most farmers of this typology, grazing is the primary feed source
13
14
15 321 for their goats. However, as in the first group, farmers supplement their goats with feed. The
16
17 322 animals' house holding surface in this group varies from 100 to 500 m². The average number of
18
19
20 323 goats per farm is also less than 25 and most farmers raise other animal species (9/14), and the goat
21
22 324 products is mixed (milk and kids). Compared to the first group, the improvements made by the
23
24
25 325 farmers are mainly related to better practices of vaccination (14/14), disinfection of the installations
26
27 326 (14/14) with a frequency of 2 to 5 per year in 10/14 breeders.
28
29

30
31 327 The cluster 3 grouped 18 farmers (37% of the total). This typology (group) represents has few
32
33 328 similarities to the former clusters, but characterized as an “improved traditional livestock system”.
34
35 329 As with the two previous clusters, feeding is based on grazing and supplementation using organic
36
37
38 330 kitchen waste, leaves from specific trees found in Kabylia, fodder, and agricultural by-products.
39
40 331 The surface area of livestock buildings in this group is greater (>500 m²) for 11/18 farmers. In this
41
42
43 332 group, disinfection is practiced by 17/18 farmers, with frequencies varying from 1 to 5 times per
44
45 333 year. Half of the farmers of this cluster vaccinate their animals. The average herd size in this group
46
47
48 334 varies from 25 to 50 heads, a higher number than the previous clusters.
49

50
51 335 The cluster 4 grouped few farmers (n= 6; 12% of the total). This cluster is characterized as an
52
53 336 “intensive goat production system”. This group is composed of farmers aged between 40 and 49
54
55
56 337 years and they possess large housing units (> 500 m², for 4/6 farmers). In contrast to the others,
57
58 338 these farmers use bedding rather than straw, and disinfect more frequently than clusters 2 and 3.
59
60
61 339 The average size of their herd is more than 50 heads, which means that the farmers exclusively
62
63
64
65

340 raise goats. The goats' diet is based on pasture and a more adapted supplementation all the other
1
2341 groups. The majority of the farmers in this cluster vaccinate their goats. The main activity of this
3
4342 group is goat breeding.

7343 **4. Conclusion**

10
11344 The results of the socio-economic characterization of goat breeders in the region of Kabylia
12
13345 have highlighted the important potential that this region has in terms of production, thus
14
15
16346 constituting a considerable source of income for the breeders, despite the fact that goat breeding is
17
18347 not in its entirety a conventional and intensive activity. This study uncovered that the goat
19
20
21348 population in Tizi-Ouzou is managed using two main production systems, which are based on
22
23349 management strategies and the use of external inputs and natural pastures as well as social, cultural
24
25350 and economic dimensions as key drivers. The extensive production system, which is the dominant
26
27
28351 system in our study area, primarily relies on the exploitation of natural resources (pastures), with
29
30
31352 no direct relationship to the farm. On the other hand, semi-intensive to intensive production
32
33353 systems, which require a greater investment were identified. In this case, producers are likely to
34
35354 invest more or less in inputs and labor, allowing the animals to better express their production
36
37
38355 potential. The characterization of the goat farming systems and their reproductive abilities lays the
39
40356 groundwork for the implementation of recommendations aiming to improve the productivity of
41
42
43357 domestic goat farming. Furthermore, to ensure the sustainability of local goat genetic resources,
44
45358 some protective measures should be put in place. These results are prerequisites for the
46
47
48359 development of new breeding programs and transforming small-scale farming to large-scale
49
50360 farming systems. Addressing the limitations and constraints that impede the growth of the goat
51
52361 farming in this area are needed by larger surveys that would consider other provinces of Kabylia
53
54
55362 region. To achieve a successful implementation of these strategies, the active contribution of
56
57363 breeders, researchers, and policy makers is more than needed.

60 61364 **Acknowledgments**

365 The authors extend their gratitude to the 49 farmers who generously shared their intrinsic
1
2 366 knowledge of goat farming and hospitality to the first author during the fieldwork. The first author
3
4 367 conveys special thanks to the valuable contributions of Akkouche Abdelmalek, Dr. Aghiles
5
6 368 Hamouche, Dr. Ait Ouhioune Katia, and the agricultural services of Tizi-Ouzou for their support
7
8
9 369 and cooperation in this field study.

10
11

12 370 **Conflicts of interests and funding**

13
14

15
16 371 The authors declare that they have no conflicts of interest that could have influenced the results
17
18 372 or interpretation of the study. All travel expenses were covered through the personal funds of the
19
20
21 373 first author in the frame of her PhD thesis.

22
23

24 374 **References**

25
26

27 375 Abdallah, M.-C., Kamel, M., Karima, B., Samir, A., Djamel, K., Rachid, K., & Khatima, A.-O.
28 376 (2019). Cross-Sectional Survey on *Toxoplasma gondii* Infection in Cattle, Sheep, and Goats
29 377 in Algeria: Seroprevalence and Risk Factors. *Veterinary Sciences*, 6(3), 63.
30 378 <https://www.mdpi.com/2306-7381/6/3/63>

31 379 Abraham, H., Gizaw, S., & Urge, M. (2017). Begait goat production systems and breeding practices
32 380 in Western Tigray, North Ethiopia. *Open Journal of Animal Sciences*, 7(02), 198.

33 381 Ait Issad, N., Abdelouahed, K., Bekhouche, S., Boubeuker, R., Hamoudi Adjmi, H., Ouchene-
34 382 Khelifi, N. A., Ouchene, N., Ait Oudhia, K., & Khelef, D. (2020). Molecular detection of
35 383 the B1 gene of *Toxoplasma gondii* in blood samples of female sheep and goats in Tebessa,
36 384 northeastern Algeria. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 72,
37 385 101530. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.cimid.2020.101530>

38 386 Alary, V., Duteurtre, G., & Faye, B. (2011). Elevages et sociétés : les rôles multiples de l'élevage
39 387 dans les pays tropicaux [Livestock and societies: multiple roles of livestock in tropical
40 388 countries] [Article de revue à facteur d'impact] [archive]. *INRA Productions Animales*,
41 389 24(1), 145-156. <https://doi.org/10.20870/productions-animales.2011.24.1.3246>
42 390 (revue_pas_libre_acces_total)

43
44 391 Alexandre, G., & Mandonnet, N. (2005). Goat meat production in harsh environments. *Small*
45 392 *Ruminant Research*, 60(1), 53-66.
46 393 <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2005.06.005>

47
48 394 Aziz, M. A. (2010). Present status of the world goat populations and their productivity. *World*,
49 395 861(1078.2), 1.

50
51 396 Bencherif, S. (2011). *L'élevage pastoral et la céréaliculture dans la steppe algérienne. Évolution*
52 397 *et possibilités de développement* AgroParisTech].

53
54
55
56
57
58
59
60
61
62
63
64
65

- 398 Boyazoglu, J., Hatziminaoglou, I., & Morand-Fehr, P. (2005). The role of the goat in society: past,
399 present and perspectives for the future. *Small Ruminant Research*, 60(1-2), 13-23.
1
- 2
3 400 Casey, N. H., & Webb, E. C. (2010). Managing goat production for meat quality. *Small Ruminant*
401 *Research*, 89(2), 218-224.
402 <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2009.12.047>
6
- 7 403 Chetroiu, R., Călin, I., & Niculescu, C. G. (2013). Worldwide trends and orientations of raising
8 goats. *Agrarian Economy and Rural Development-Realities and Perspectives for Romania*.
9 404 4th Edition of the International Symposium,
10 405
- 11
12 406 Daskiran, I., Savas, T., Koyuncu, M., Koluman, N., Keskin, M., Esenbuga, N., Konyali, A., Cemal,
13 407 İ., Gül, S., Elmaz, O., Kosum, N., Dellal, G., & Bingöl, M. (2018). Goat production systems
14 408 of Turkey: Nomadic to industrial. *Small Ruminant Research*, 163, 15-20.
15 409 <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2017.10.001>
17
- 18 410 Dekhili, M., Bounechada, M., & Mannalah, I. (2013). Multivariate analyses of morphological traits
19 411 in Algerian goats, Sétif, north-eastern Algeria. *Animal Genetic Resources/Resources*
20 412 *génétiques animales/Recursos genéticos animales*, 52, 51-57.
21
- 22
23 413 Djagba, A. Y., Bonfoh, B., Bassowa, H., & Aklikokou, K. (2020). Etat des lieux de l'élevage caprin
24 414 en milieu paysan au Togo. *Revue d'élevage et de médecine vétérinaire des pays tropicaux*,
25 415 73(1), 11-19.
26
- 27 416 Dossa, L. H., Sangaré, M., Buerkert, A., & Schlecht, E. (2015). Production objectives and breeding
28 practices of urban goat and sheep keepers in West Africa: regional analysis and implications
29 417 for the development of supportive breeding programs. *SpringerPlus*, 4(1), 1-12.
30 418
- 31
32 419 Dossa, L. H., Wollny, C., & Gauly, M. (2007). Smallholders' perceptions of goat farming in
33 420 southern Benin and opportunities for improvement. *Tropical Animal Health and*
34 421 *Production*, 39(1), 49-57. <https://doi.org/10.1007/s11250-006-4440-2>
35
- 36
37 422 Dosseh, H. K., Ahozonlin, M. C., & Dossa, L. H. (2021). Comparison of some zootechnical
38 423 performances of local and Red Maradi goats reared under smallholder production systems
39 424 in the Sudanian zone of Benin. *Veterinary and Animal Science*, 14, 100210.
40
- 41 425 Dubeuf, J. P., Morand-Fehr, P., & Rubino, R. (2004). Situation, changes and future of goat industry
42 around the world. *Small Ruminant Research*, 51(2), 165-173.
43 426 <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2003.08.007>
44 427
45
- 46 428 Dudek, K., Sevimli, U., Migliore, S., Jafarizadeh, A., Loria, G. R., & Nicholas, R. A. (2022).
47 Vaccines for Mycoplasma Diseases of Small Ruminants: A Neglected Area of Research.
48 429 *Pathogens*, 11(1), 75.
49 430
- 50
51 431 Fikru, S., & Gebeyew, K. (2015). Sheep and goat production systems in Degehabur Zone, Eastern
52 432 Ethiopia: challenge and opportunities. *Advances in Dairy Research*, 1-9.
53
- 54 433 Gabli, A., Agabou, A., & Gabli, Z. (2015). Brucellosis in nomadic pastoralists and their goats in
55 two provinces of the eastern Algerian high plateaus. *Tropical animal health and production*,
56 434 47(6), 1043-1048. <https://doi.org/10.1007/s11250-015-0825-4>
57 435
58
59
60
61
62
63
64
65

- 436 Gispert Muñoz, A. C., Pedraza Olivera, R. M., Montes de Oca, R. V., & Bidot Fernández, A. I.
437 (2019). Características generales de sistemas familiares de producción caprina del
1438 municipio Camagüey, Cuba. *Revista de Producción Animal*, 31(3), 88-94.
- 439 Gnanda, B., N'Diaye, A. W., Sanon, H., Somda, J., & Nianogo, J. (2016). Rôle et place de la chèvre
5440 dans les ménages du Sahel burkinabé. *Tropicicultura*, 34(1).
- 7441 Hadbaoui, I. (2013). Les parcours steppiques dans la région de M'Sila: quelle gestion pour quel
8442 devenir. *Mémoire de Magistère, Université Kasdi Merbah, Ouargla*.
- 1443 Hadjigeorgiou, I. (2011). Past, present and future of pastoralism in Greece. *Pastoralism: research,
1444 policy and practice*, 1(1), 1-22.
- 1445 Haif, A., Khelifi-Ouchene, N. A., Khelifi, M., Ouchetati, I., Zeroual, F., & Ouchene, N. (2021).
15446 Abortive diseases and their various associated risk factors in small ruminants in Algeria: a
16447 systematic review. *Tropical animal health and production*, 53(6), 520.
18448 <https://doi.org/10.1007/s11250-021-02926-6>
- 20449 Hossain, M., Akhtar, A., Hossain, M., Choudhury, M., & Islam, F. (2015). Goat husbandry
21450 practices in Southern region of Bangladesh. *J. Biosci. Agric. Res*, 5(02), 59-64.
- 2451 Jayet, P.-A., Isbasoiu, A., & De Cara, S. (2020). Slaughter cattle to secure food calories and reduce
2552 agricultural greenhouse gas emissions? Some prospective estimates for France. *Review of
26553 Agricultural, Food and Environmental Studies*, 101(1), 67-90.
27454 <https://doi.org/10.1007/s41130-020-00117-9>
- 30455 Kadi, S., Hassini, F., Lounas, N., & Mouhous, A. (2014). Caractérisation de l'élevage caprin dans
31456 la région montagneuse de Kabylie en Algérie. 8th International Seminar FAO-CIHEAM
32457 Network on Sheep and Goats "Technology creation and transfer in small ruminants: Roles
33458 of research, development services and farmer associations,
- 35459 Kardjadj, M. (2017). An epidemiological overview of small ruminant diseases in Algeria. *Revue
36460 Scientifique et Technique - Office International des Épizooties*, 36(3), 997-1006.
- 39461 Kaumbata, W., Nakimbugwe, H., Nandolo, W., Banda, L. J., Mészáros, G., Gondwe, T.,
40462 Woodward-Greene, M. J., Rosen, B. D., Van Tassell, C. P., & Sölkner, J. (2021).
41463 Experiences from the Implementation of Community-Based Goat Breeding Programs in
42464 Malawi and Uganda: A Potential Approach for Conservation and Improvement of
4465 Indigenous Small Ruminants in Smallholder Farms. *Sustainability*, 13(3), 1494.
- 466 Kdidi, S., Yahyaoui, M. H., Conte, M., Chiappini, B., Hammadi, M., Khorchani, T., & Vaccari, G.
47467 (2021). Genetic Variation in the Prion Protein Gene (PRNP) of Two Tunisian Goat
48468 Populations. *Animals*, 11(6), 1635. <https://www.mdpi.com/2076-2615/11/6/1635>
- 51469 Khelifi, N. A., & Ouchene, N. (2021). Relationships between age, body measurements, and
52470 testicular measurements in Arabia bucks in Algeria. *Tropical animal health and production*,
53471 53. <https://doi.org/10.1007/s11250-020-02500-6>
- 55472 Kitching, R. P. (2003). Vaccines for lumpy skin disease, sheep pox and goat pox. *Developments in
57473 biologicals*, 114, 161-167. <http://europepmc.org/abstract/MED/14677686>

- 474 Laouadi, M., Mennah- Goveia, Y. A., Moula, N., Moussiaux, N. A., & Kafidi, N. (2020).
475 Morphological characterization of indigenous goats in the region of Laghouat in Algeria.
1476 *Archivos de zootecnia*, 69(267), 272-279.
- 477 Laouadi, M., Tennah, S., Kafidi, N., Antoine-Moussiaux, N., & Moula, N. (2018). A basic
5478 characterization of small-holders' goat production systems in Laghouat area, Algeria.
6479 *Pastoralism*, 8(1), 1-8.
- 8480 Lê, S., Josse, J., & Husson, F. (2008). FactoMineR: an R package for multivariate analysis. *Journal*
10481 *of statistical software*, 25, 1-18.
- 12482 Luikart, G., Gielly, L., Excoffier, L., Vigne, J.-D., Bouvet, J., & Taberlet, P. (2001). Multiple
13483 maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. *Proceedings of the*
14484 *National Academy of Sciences*, 98(10), 5927-5932.
- 16485 Madani, T., Allouche, L., Saffidine, N., Belkasm, F., & Semara, L. (2013). Maternal and neonatal
18486 behaviors of Ouled Djellal sheep breed and their effects on production parameters. *Small*
19487 *Ruminant Research*, 114(1), 46-50.
- 21488 Marsoner, T., Egarter Vigl, L., Manck, F., Jaritz, G., Tappeiner, U., & Tasser, E. (2018). Indigenous
22489 livestock breeds as indicators for cultural ecosystem services: A spatial analysis within the
24490 Alpine Space. *Ecological Indicators*, 94, 55-63.
25491 <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2017.06.046>
- 27492 Mataveia, G. A., Garrine, C. M., Pondja, A., Hassen, A., & Visser, C. (2019). Smallholder goat
28493 production in the Namaacha and Moamba districts of southern Mozambique.
- 31494 Mazhangara, I. R., Chivandi, E., Mupangwa, J. F., & Muchenje, V. (2019). The Potential of Goat
32495 Meat in the Red Meat Industry. *Sustainability*, 11(13), 3671. <https://www.mdpi.com/2071-1050/11/13/3671>
- 35497 Miller, B. A., & Lu, C. D. (2019). Current status of global dairy goat production: an overview.
36498 *Asian-Australas J Anim Sci*, 32(8), 1219-1232. <https://doi.org/10.5713/ajas.19.0253>
- 39499 Miranda-de la Lama, G. C., & Mattiello, S. (2010). The importance of social behaviour for goat
40500 welfare in livestock farming. *Small Ruminant Research*, 90(1-3), 1-10.
- 42501 Mohlatlole, R. P., Dzomba, E. F., & Muchadeyi, F. C. (2015). Addressing production challenges
43502 in goat production systems of South Africa: The genomics approach. *Small Ruminant*
44503 *Research*, 131, 43-49. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2015.08.003>
- 47504 Moula, N., Ait Kaki, A., Touazi, L., Farnir, F., Leroy, P., & Antoine-Moussiaux, N. (2017). Goat
48505 breeding in the rural district of Chemini (Algeria). *Nature and Technology*.
- 51506 Nafti, M. (2021). Characteristics and Typology of Goat Herding Systems in Arid Oases of Tunisia
52507 and Their Adaptive Potentialities of Reproduction. *Cross Current Int J Agri Vet Sci*, 3(8),
53508 76-86.
- 55509 Ouahiba, M.-S., & Arezki, D. (2010). Le risque d'incendie de forêt : évaluation et cartographie.
56510 *Science et changements planétaires / Sécheresse*, 21(3), 187-195.
58511 <https://doi.org/10.1684/sec.2010.0249>

- 512 Ouchene-Khelifi, N.-A., Ouchene, N., Da Silva, A., & Lafri, M. (2018). Multivariate
513 characterization of phenotypic traits of Arabia, the main Algerian goat breed. *Livest. Res.
1 514 Rural Dev*, 30.
- 3
4 515 Ouchene-Khelifi, N.-A., Ouchene, N., Maftah, A., Da Silva, A. B., & Lafri, M. (2015). Assessing
516 admixture by multivariate analyses of phenotypic differentiation in the Algerian goat
6 517 livestock. *Tropical Animal Health and Production*, 47(7), 1343-1350.
7 518 <https://doi.org/10.1007/s11250-015-0869-5>
- 8
9
10 519 Peacock, C. (2005). Goats—A pathway out of poverty. *Small Ruminant Research*, 60(1), 179-186.
11 520 <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2005.06.011>
- 12
13 521 Peacock, C., Ahuya, C. O., Ojango, J. M. K., & Okeyo, A. M. (2011). Practical crossbreeding for
14 522 improved livelihoods in developing countries: The FARM Africa goat project. *Livestock
15 523 Science*, 136(1), 38-44. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.livsci.2010.09.005>
- 16
17
18 524 Rahadi, S., Kusumawati, E., Isnaini, N., Hakim, L., Ciptadi, G., Susilawati, T., & Nurgiartiningsih,
19 525 V. (2020). Characterization and typology of goat production systems in West Muna
20 526 Regency, Southeast Sulawesi, Indonesia. IOP Conference Series: Earth and Environmental
21 527 Science,
- 22
23
24 528 Rajala, E., Vogel, I., Sundin, A., Kongmanila, D., Nassuna-Musoke, M. G., Musundire, R.,
25 529 Mulangala, M. N., Chiwona-Karlton, L., Magnusson, U., & Boqvist, S. (2021). How can
26 530 agricultural research translation projects targeting smallholder production systems be
27 531 strengthened by using Theory of Change? *Global Food Security*, 28, 100475.
- 28
29
30 532 Ripoll, G., Alcalde, M. J., Argüello, A., Córdoba, M. G., & Panea, B. (2021). Influence of the Use
31 533 of Milk Replacers on Carcass Characteristics of Suckling Kids from Eight Spanish Goat
32 534 Breeds. *Animals*, 11(11), 3300. <https://www.mdpi.com/2076-2615/11/11/3300>
- 33
34 535 Ruiz, F. A., Castel, J. M., Mena, Y., Camúñez, J., & González-Redondo, P. (2008). Application of
35 536 the technico-economic analysis for characterizing, making diagnoses and improving
36 537 pastoral dairy goat systems in Andalusia (Spain). *Small Ruminant Research*, 77(2-3), 208-
37 538 220. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2008.03.007>
- 38
39
40 539 Rumosa Gwaze, F., Chimonyo, M., & Dzama, K. (2008). Communal goat production in Southern
41 540 Africa: a review. *Tropical animal health and production*, 41(7), 1157.
42 541 <https://doi.org/10.1007/s11250-008-9296-1>
- 43
44
45 542 Saico, S. S., & Abul, S. (2007). Socio-economic constraints on goat farming in the lowveld of
46 543 Swaziland-A case study of Matsanjeni. *Journal of sustainable development in Africa*, 9(3).
- 47
48
49 544 Saidani, K., Ziam, H., Hamiroune, M., Righi, S., & Benakhla, A. (2019). Elevage des petits
50 545 ruminants en Kabylie, Algérie, et perspectives de développement. *Revue d'élevage et de
51 546 médecine vétérinaire des pays tropicaux*, 72(2), 49-54.
- 52
53 547 Salama, A. A. K., Caja, G., Hamzaoui, S., Badaoui, B., Castro-Costa, A., Façanha, D. A. E.,
54 548 Guilhermino, M. M., & Bozzi, R. (2014). Different levels of response to heat stress in dairy
55 549 goats. *Small Ruminant Research*, 121(1), 73-79.
56 550 <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2013.11.021>
- 57
58
59 551 Tefiel, H., Ata, N., Chahbar, M., Benyarou, M., Fantazi, K., Yilmaz, O., Cemal, I., Karaca, O.,
60 552 Boudouma, D., & Gaouar, S. B. S. (2018). Genetic characterization of four Algerian goat

553 breeds assessed by microsatellite markers. *Small Ruminant Research*, 160, 65-71.
554 <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2018.01.021>
1
2
3 555 Tefiel, H., Ata, N., Fantazi, K., Yilmaz, O., Cemal, I., Karaca, O., Chahbar, M., Ameer, A. A., &
4 556 Gaouar, S. (2020). MICROSATELLITE BASED GENETIC DIVERSITY IN
5 557 INDIGENOUS GOAT BREEDS REARED IN ALGERIA AND TURKEY. *JOURNAL OF*
6 558 *ANIMAL AND PLANT SCIENCES-JAPS*, 30(5), 1115-1122.
7
8 559 Usai, M. G., Casu, S., Molle, G., Decandia, M., Ligios, S., & Carta, A. (2006). Using cluster
9 560 analysis to characterize the goat farming system in Sardinia. *Livestock Science*, 104(1-2),
10 561 63-76. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2006.03.013>
11
12
13 562
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29
30
31
32
33
34
35
36
37
38
39
40
41
42
43
44
45
46
47
48
49
50
51
52
53
54
55
56
57
58
59
60
61
62
63
64
65

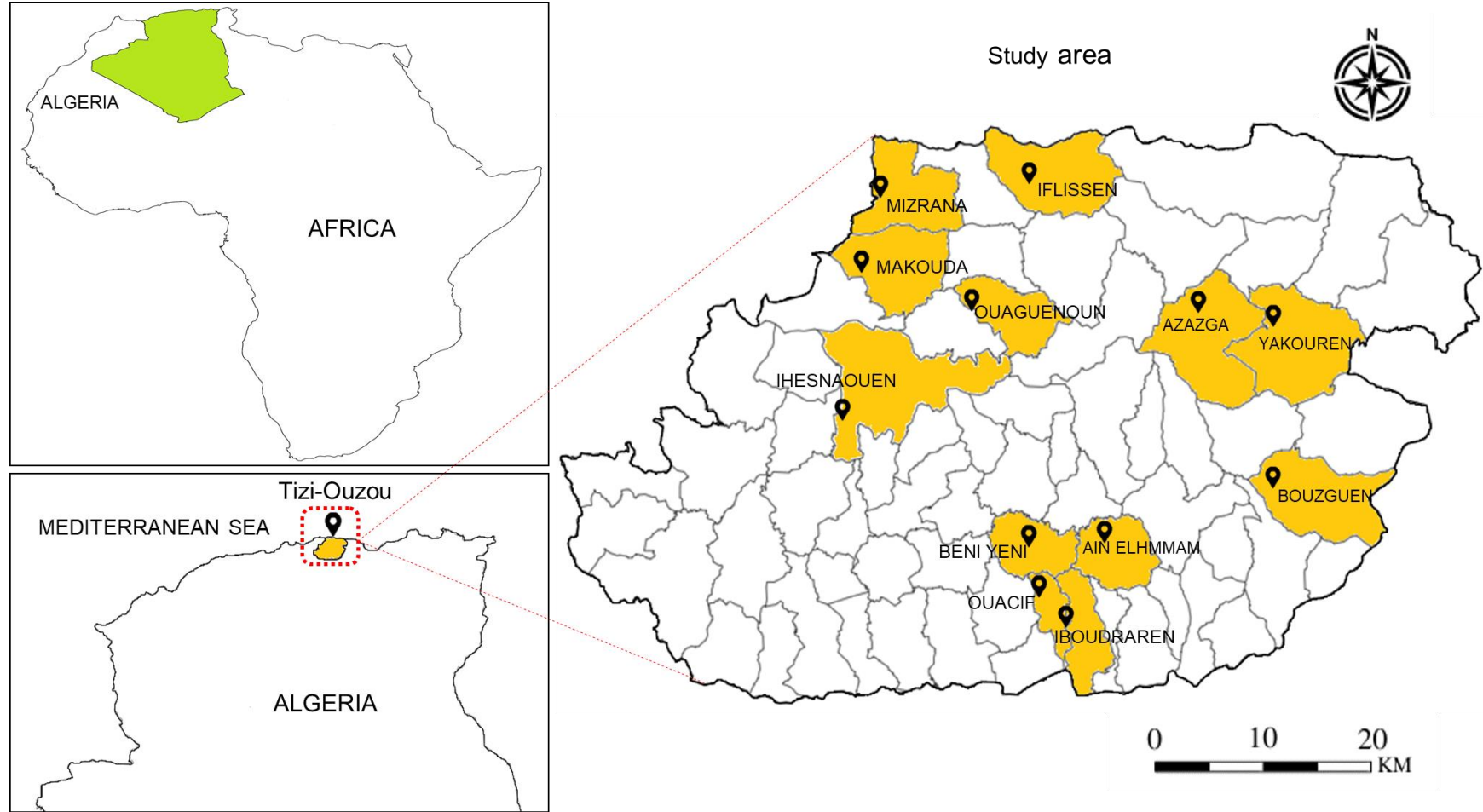


Figure 1. Map of the study area in Tizi-Ouzou province of Kabylia region.

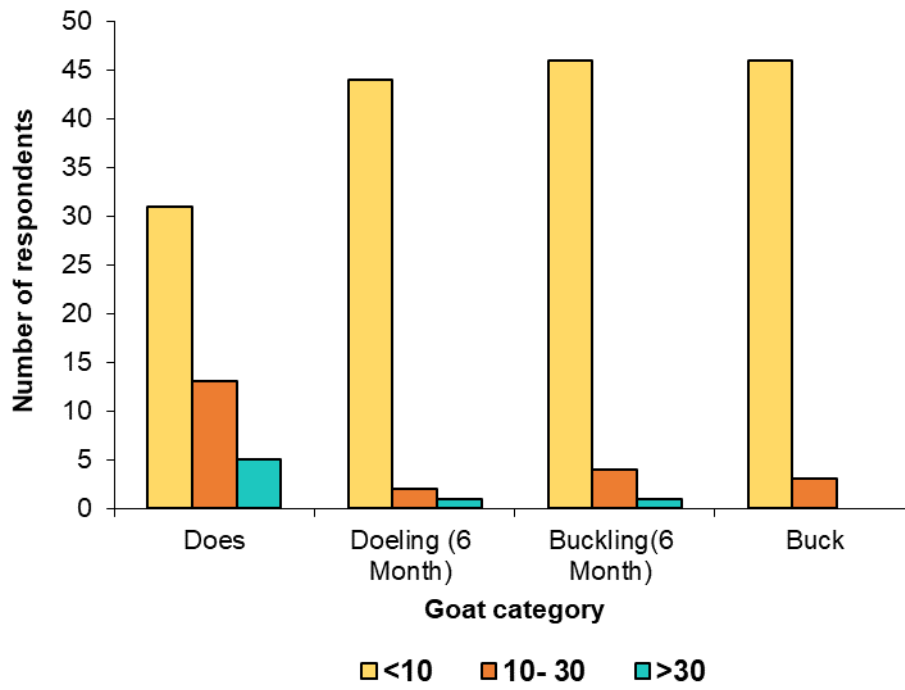


Figure 2. Goat herd composition by age categories.

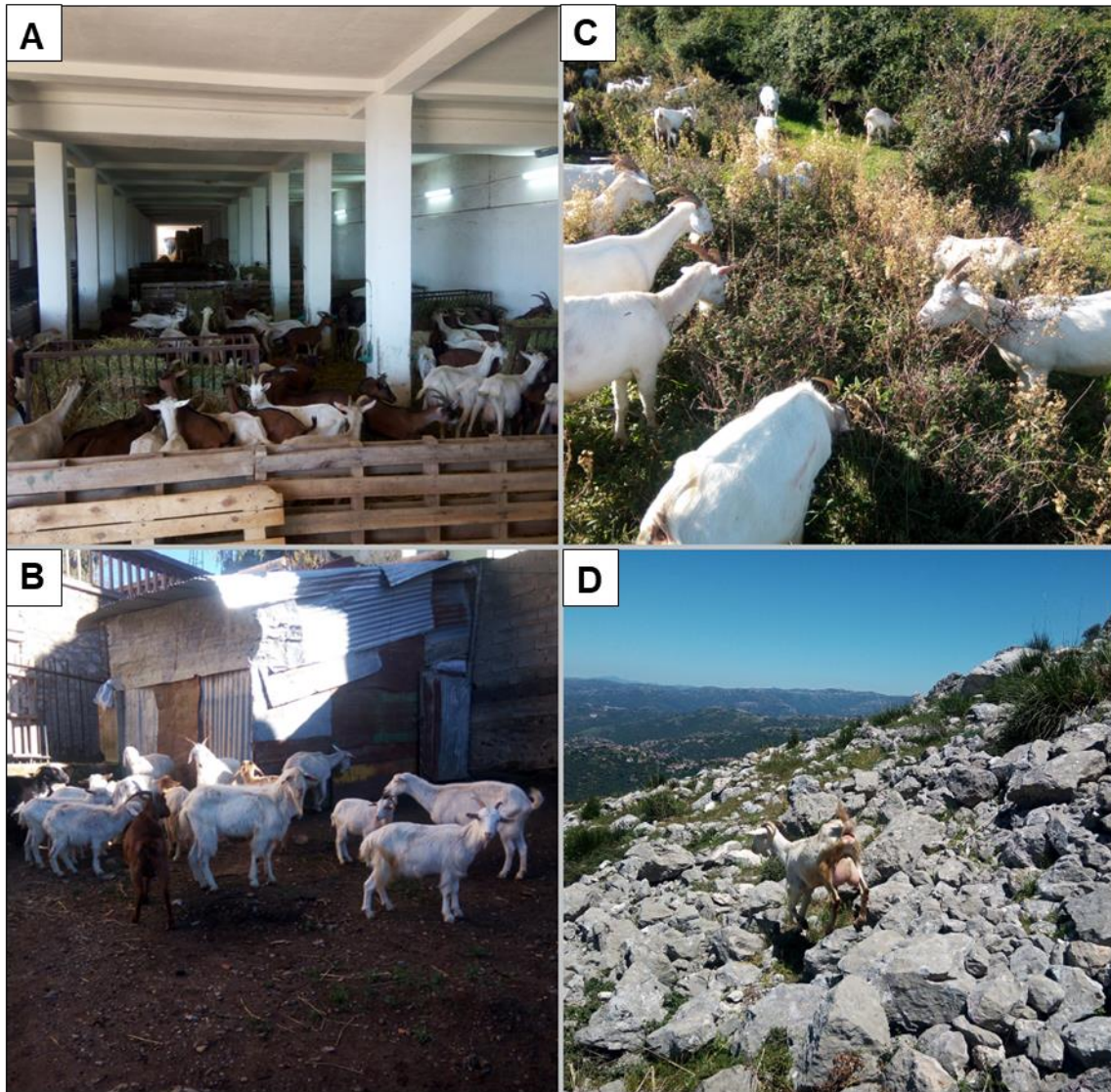


Figure 3. Diversity of rearing practices applied for goat breeding by farmers in Kablyia region, standing from extensive to intensive production, with sometimes a mixture of both. **A)** Goats reared exclusively under modern breeding practices under intensive production; **B)** A mixture of intensive production but let elaborated practices, **C)** Extensive production but with an overlap with intensive practices; **D)** extensive and pastoralism production type in the mountains.

592

593

594

595

596

597

598

599

600

601

602

603

604

605

606

607

608

609

610

611

612

613

614

615

616

617

618

619

620

621

622

623

624

625

626

627

628

629

630

631

632

633

634

635

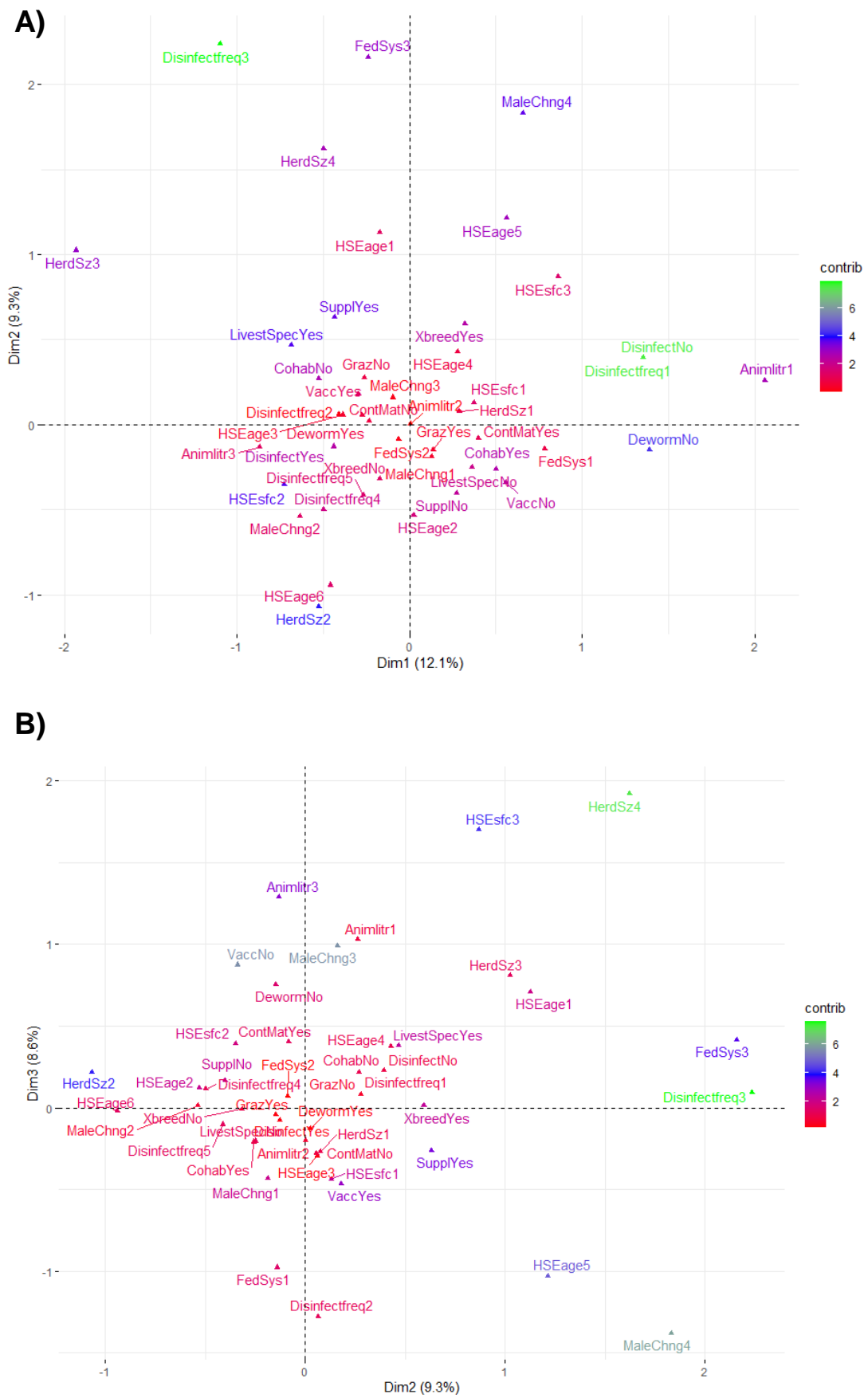


Figure 4. Modalities graphic representation on the three first axis of the multiple correspondence analysis (for the meaning of the codification refer to **Table 1**). **A)** Dimension 1 and 2 and **B)** Dimension 2 and 3.

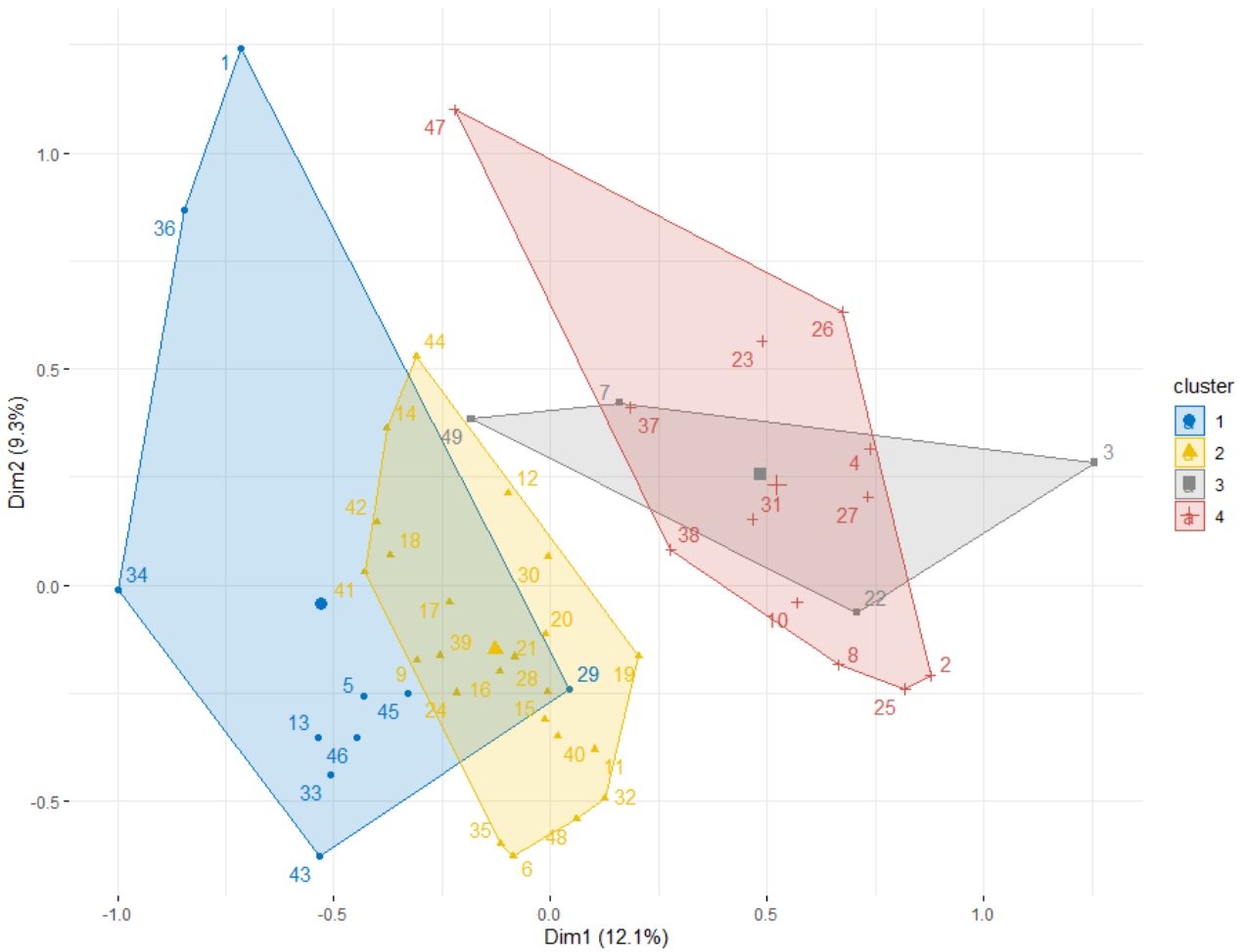


Figure 5. Clustering analyses highlighting the four clusters identified in this study based on the multiple correspondence analysis. The numbers correspond to the codification of each respondent.

619 **Table 1.** Variables and modalities codes used in the multiple correspondence analysis (MCA).

| Variables | Codes | Modalities |
|--------------------------|---------------|--|
| House holding surface | HSEsfc | HSEsfc1: 100-500 HSEsfc2: >500 HSEsfc3: <5 |
| House holding Age | HSEage | HSEage1: <5 HSEage2: 5-10 HSEage3: 11-15 HSEage4: 16-20 HSEage5: 21-25 HSEage6: >25 |
| Animal litter | Animlitr | Animlitr1: None Animlitr2: Straw Animlitr3: Others |
| Disinfection | Disinfect | DisinfectNo: No DisinfectYes: Yes |
| Disinfection frequency | Disinfectfreq | Disinfectfreq1: Never Disinfectfreq2: Once per day Disinfectfreq3: Once per month Disinfectfreq4: Once per year Disinfectfreq5: 2-5 per year |
| Herd size | HerdSz | HerdSz1: <25 HerdSz2: 25-50 HerdSz3: 51-100 HerdSz4: >100 |
| Livestock specialization | LivestSpec | LivestSpecNo: No LivestSpecYes: Yes |
| Cohabitation | Cohab | CohabNo: No CohabYes: Yes |
| Male changing frequency | MaleChng | MaleChng1: 1-2 year MaleChng2: 2-3 year MaleChng3: Reform MaleChng4: No male |
| Controlled mating | ContMat | ContMatNo: No ContMatYes: Yes |
| Crossbreeding | Xbreed | XbreedNo: No XbreedYes: Yes |
| Feeding system | FedSys | FedSys1: Free grazing FedSys2: Free grazing and supplement FedSys3: Through feed |
| Grazing (year) | Graz | GrazNo: No GrazYes: Yes |
| Dietary supplementation | Suppl | SupplNo: No SupplYes: Yes |
| Deworming | Deworm | DewormNo: No DewormYes: Yes |
| Vaccination | Vacc | VaccNo: No VaccYes: Yes |

620
61
62
63
64
65

621 **Table 2.** The socio-economic characterization of the respondents (farmers).

622

| Variables | Modalities | (%) of Respondents |
|------------------------------|-----------------------|--------------------|
| Gender | Male | 88 624 |
| | Female | 12 625 |
| Age (years) | < 30 | 4 |
| | 30-39 | 33 |
| | 40 - 49 | 31 626 |
| | 50 - 59 | 24 |
| | > 60 | 8 |
| Level of education /Literacy | No formal education | 10 |
| | Primary school | 6 |
| | Secondary school | 51 |
| | Post-Secondary school | 27 |
| | University | 6 |
| Breeding experience (years) | <5 | 29 |
| | 5-10 | 22 |
| | 10-15 | 14 |
| | 15-20 | 12 |
| | 20-25 | 10 |
| | ≥25 | 12 |
| Breeding knowledge | Legacy | 80 |
| | Specialized training | 4 |
| | Other sources | 16 |
| Other sources of income | No | 51 |
| | Yes | 49 |
| Purpose of goat keeping | Income | 69 |
| | Milk Production | 51 |
| | Meat Production | 27 |
| | Traditional Activity | 39 |
| Goat keeping responsibility | Owner | 61 |
| | Family labor | 35 |
| | Workers | 4 |

627 **Table 3.** The factors characterizing the animal feeding and health care applied by the farmers.

| Variables | Modalities | (%) of respondents |
|-------------------------|-----------------------------|---------------------------|
| Cohabitation housing | No | 49 |
| | Yes | 51 |
| Herd size | <25 | 71 |
| | 25- 50 | 18 |
| | 51 - 100 | 4 |
| | >100 | 6 |
| Grazing all year | No | 35 |
| | Yes | 65 |
| Feeding system | Free grazing | 6 |
| | Free grazing and Supplement | 90 |
| | Through feed | 4 |
| Water analysis routine | No | 94 |
| | Yes | 4 |
| Udder washing frequency | Before milking | 86 |
| | After milking | 4 |
| | Irregular | 6 |
| | Rarely | 6 |
| | Never milking | 2 |
| Controlled mating | No | 59 |
| | Yes | 41 |
| Crossbreeding | No | 65 |
| | Yes | 35 |
| Vaccination | No | 35 |
| | Yes | 65 |

628
629

40
41
42
43
44
45
46
47
48
49
50
51
52
53
54
55
56
57
58
59
60
61
62
63
64
65

629 **Table 4.** The degree of statistic link between the studied variables within the first three
 630 dimensions.

| Variables | Dimension 1 | Dimension 2 | Dimension 3 |
|--------------------------|--------------|--------------|--------------|
| House holding surface | | | |
| House holding Age | 0.093 | | |
| Animal litter | | 0.005 | |
| Disinfection | | 0.05 | 0.017 |
| Disinfection frequency | | | 0.087 |
| Herd size | | | |
| Livestock specialization | | | 0.078 |
| Cohabitation | | 0.07 | 0.045 |
| Male changing frequency | 0.087 | | |
| Controlled mating | | 0.005 | |
| Cross breeding | 0.055 | | 0.000 |
| Feeding system | 0.056 | | 0.089 |
| Grazing (year) | 0.036 | 0.041 | 0.004 |
| Dietary supplementation | | | 0.044 |
| Deworming | | 0.004 | 0.095 |
| Vaccination | | 0.061 | |

631 The significant variables ($p < 0.05$) are shown in bold character, those in tendency ($P <$
 632 0.1 and > 0.05) are in normal character and the insignificant variables are left blank.

633 **Table 5.** Distribution of the farmers (in percentages, %) in the different clusters for the most relevant
 634 modalities retained in this study.

| Modalities | Cluster 1 (n = 11) | Cluster 2 (n = 14) | Cluster 3 (n = 18) | Cluster 4 (n = 6) |
|----------------|-----------------------|-----------------------|-----------------------|----------------------|
| HSEsfc2 | - | - | 64.71 | - |
| HSEage1 | - | - | 100 | - |
| HSEage2 | - | - | 52.63 | - |
| HSEage3 | - | 55.6 | - | - |
| HSEage5 | - | 60 | - | - |
| HSEage6 | - | - | 100 | - |
| Animlitr1 | 100 | - | - | - |
| Animlitr3 | - | - | - | 60 |
| DisinfectNo | 83.33 | - | - | - |
| Disinfectfreq1 | 83.33 | - | - | - |
| Disinfectfreq2 | - | 50 | 50 | - |
| Disinfectfreq3 | - | 66.67 | - | - |
| Disinfectfreq4 | - | - | 66.67 | - |
| Disinfectfreq5 | - | 52.63 | - | - |
| HerdSz2 | - | - | 88.89 | - |
| HerdSz3 | - | - | - | 100 |
| HerdSz4 | - | - | - | 100 |
| MaleChang2 | - | - | 66.67 | - |
| MaleChang4 | 66.67 | - | - | - |
| FedSys1 | 50 | - | 50 | - |
| FedSys3 | 100 | - | - | - |
| GrazNo | - | 56.25 | - | - |
| SupplNo | - | - | 60.00 | - |
| SupplYes | - | 66.67 | - | - |
| DewormNo | 71.43 | - | - | - |
| VaccNo | - | - | 52.94 | - |

635 “-” indicates low percentages ($\geq 50\%$).

636
 637
 638
 639
 640
 641
 642
 643
 644
 645

637 **Table 6.** Distribution of the farmers in the four clusters by modalities.

| | Modalities | Cluster 1 | Cluster 2 | Cluster 3 | Cluster 4 | Total |
|----|-------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|--------------|
| 1 | | | | | | |
| 2 | | | | | | |
| 3 | HSEsfc1 | 10 | 11 | 7 | 0 | 28 |
| 4 | HSEsfc2 | 0 | 2 | 11 | 4 | 17 |
| 5 | HSEsfc3 | 1 | 1 | 0 | 1 | 3 |
| 6 | HSEage1 | 0 | 0 | 2 | 0 | 2 |
| 7 | HSEage2 | 5 | 3 | 10 | 1 | 19 |
| 8 | HSEage3 | 1 | 5 | 1 | 2 | 9 |
| 9 | HSEage4 | 3 | 3 | 1 | 2 | 9 |
| 10 | HSEage5 | 2 | 3 | 0 | 0 | 5 |
| 11 | HSEage6 | 0 | 0 | 4 | 0 | 4 |
| 12 | Animltr1 | 2 | 0 | 0 | 0 | 2 |
| 13 | Animltr2 | 9 | 14 | 16 | 2 | 41 |
| 14 | Animltr3 | 0 | 0 | 2 | 3 | 5 |
| 15 | DisinfecNo | 10 | 0 | 1 | 1 | 12 |
| 16 | DisinfecYes | 1 | 14 | 17 | 4 | 36 |
| 17 | Disinfectfreq1 | 10 | 0 | 1 | 1 | 12 |
| 18 | Disinfectfreq2 | 0 | 1 | 1 | 0 | 2 |
| 19 | Disinfectfreq3 | 0 | 2 | 0 | 1 | 3 |
| 20 | Disinfectfreq4 | 1 | 1 | 8 | 2 | 12 |
| 21 | Disinfectfreq5 | 0 | 10 | 8 | 1 | 19 |
| 22 | HerdSz1 | 11 | 13 | 10 | 1 | 35 |
| 23 | HerdSz2 | 0 | 1 | 8 | 0 | 9 |
| 24 | HerdSz3 | 0 | 0 | 0 | 2 | 2 |
| 25 | HerdSz4 | 0 | 0 | 0 | 2 | 2 |
| 26 | LivestSpecNo | 10 | 9 | 11 | 2 | 32 |
| 27 | LivestSpecYes | 1 | 5 | 7 | 3 | 16 |
| 28 | CohabNo | 3 | 5 | 10 | 5 | 23 |
| 29 | CohabYes | 8 | 9 | 8 | 0 | 25 |
| 30 | MaleChng1 | 5 | 10 | 8 | 2 | 25 |
| 31 | MaleChng2 | 0 | 1 | 4 | 1 | 6 |
| 32 | MaleChng3 | 4 | 2 | 6 | 2 | 14 |
| 33 | MaleChng4 | 2 | 1 | 0 | 0 | 3 |
| 34 | ContMatNo | 6 | 9 | 10 | 4 | 29 |
| 35 | ContMatYes | 5 | 5 | 8 | 1 | 19 |
| 36 | XbreedNo | 5 | 11 | 14 | 1 | 31 |
| 37 | XbreedYes | 6 | 3 | 4 | 4 | 17 |
| 38 | FedSys1 | 2 | 0 | 2 | 0 | 4 |
| 39 | FedSys2 | 8 | 14 | 16 | 5 | 43 |
| 40 | FedSys3 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 |
| 41 | GrazNo | 2 | 9 | 4 | 1 | 16 |
| 42 | GrazYes | 9 | 5 | 14 | 4 | 32 |
| 43 | SupplNo | 9 | 2 | 18 | 1 | 30 |
| 44 | SupplYes | 2 | 12 | 0 | 4 | 18 |
| 45 | DewormNo | 5 | 1 | 1 | 0 | 7 |
| 46 | DewormYes | 6 | 13 | 17 | 5 | 41 |
| 47 | VaccNo | 6 | 0 | 9 | 2 | 17 |
| 48 | VaccYes | 5 | 14 | 9 | 3 | 31 |
| 49 | | | | | | |
| 50 | | | | | | |
| 51 | | | | | | |
| 52 | | | | | | |
| 53 | | | | | | |
| 54 | | | | | | |
| 55 | | | | | | |
| 56 | | | | | | |
| 57 | | | | | | |
| 58 | | | | | | |
| 59 | | | | | | |
| 60 | | | | | | |
| 61 | | | | | | |
| 62 | | | | | | |
| 63 | | | | | | |
| 64 | | | | | | |
| 65 | | | | | | |

638

639 **Supplementary Table 1.** Distribution of the farmers in the four clusters by modalities.

| Variables (codes) | Modalities | Cluster 1 | Cluster 2 | Cluster 3 | Cluster 4 | Total |
|-------------------------------------|------------------------------|-----------|-----------|-----------|-----------|-------|
| Gender (Gndr) | Gndr F: Female | 3 | 1 | 2 | 0 | 6 |
| | Gndr M: Male | 8 | 13 | 16 | 5 | 42 |
| Age (age) | Age1: < 30 | 0 | 0 | 2 | 0 | 2 |
| | Age2: 30-39 | 2 | 9 | 4 | 0 | 15 |
| | Age3: 40 - 49 | 2 | 4 | 4 | 5 | 15 |
| | Age4: 50 - 59 | 5 | 1 | 6 | 0 | 12 |
| | Age5: > 60 | 2 | 0 | 2 | 0 | 4 |
| Education level (Educ) | Educ1: Primary school | 7 | 3 | 3 | 0 | 13 |
| | Educ2: Secondary school | 1 | 9 | 12 | 3 | 25 |
| | Educ3: Post-Secondary school | 1 | 0 | 1 | 2 | 4 |
| | Educ4: University | 0 | 2 | 1 | 0 | 3 |
| | NFE: No formal education | 2 | 0 | 1 | 0 | 3 |
| Breeding experience (Exp) | Exp<5: <5 years | 4 | 2 | 4 | 0 | 10 |
| | Exp1: 5-10 years | 2 | 2 | 1 | 2 | 7 |
| | Exp2: 11-15 years | 1 | 2 | 2 | 2 | 7 |
| | Exp3: 16-20 years | 3 | 2 | 0 | 0 | 5 |
| | Exp4: 21-25 years | 0 | 1 | 4 | 1 | 6 |
| | Exp5: >25 years | 1 | 5 | 7 | 0 | 13 |
| Specialized training (Trng) | TrngNo: No | 11 | 13 | 17 | 3 | 44 |
| | TrngYes: Yes | 0 | 1 | 1 | 2 | 4 |
| Other_work (Othrwk) | OthrwkNo: No | 3 | 4 | 9 | 4 | 20 |
| | OthrwkYes: Yes | 8 | 10 | 9 | 1 | 28 |
| Breeding as income source (Onlysrc) | OnlysrcNo: No | 10 | 11 | 10 | 1 | 32 |
| | OnlysrcYes: Yes | 1 | 3 | 8 | 4 | 16 |
| Certification (Cert) | CertNo: No | 9 | 8 | 10 | 0 | 27 |
| | CertYes: Yes | 2 | 6 | 8 | 5 | 21 |
| Nature ground (Gnd) | Gnd1: Clay | 7 | 11 | 17 | 5 | 40 |
| | Gnd2: Dirt floor | 4 | 3 | 1 | 0 | 8 |
| Routes (RTE) | RTE1: None | 8 | 6 | 11 | 4 | 29 |
| | RTE2: Forrest | 2 | 1 | 4 | 0 | 7 |
| | RTE3: Fallow | 0 | 6 | 3 | 1 | 10 |
| | RTE4: Maquis | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 |
| | RTE5: Natural meadow | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 |
| Water analysis routine (WtrAnlys) | WtrAnlysNo: No | 11 | 14 | 18 | 3 | 46 |
| | WtrAnlysYes: Yes | 0 | 0 | 0 | 2 | 2 |
| Udder washing frequency (UdderWash) | UdderWash1: Before milking | 10 | 10 | 17 | 3 | 40 |
| | UdderWash2: After milking | 0 | 2 | 0 | 0 | 2 |
| | UdderWash3: Irregular | 0 | 1 | 0 | 2 | 3 |
| | UdderWash4: Rarely | 1 | 0 | 1 | 0 | 2 |
| | UdderWash5: Not milking | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 |
| Slaughtering (Slaught) | SlaughtNo: No | 10 | 13 | 15 | 5 | 43 |
| | SlaughtYes: Yes | 1 | 1 | 3 | 0 | 5 |
| Convention (Conv) | ConvNo: No | 11 | 13 | 18 | 4 | 46 |
| | ConvYes: Yes | 0 | 1 | 0 | 1 | 2 |

640

61

62

63

64

65

Consommateurs de viande caprine

Goat meat consumption patterns and preferences in three provinces of Kabylia region in Algeria compared to other meat species: Results of an online survey.

Melisa Lamri, Djamel Djenane & Mohammed Gagaoua.

Publié dans *Meat Technology* 63 (2022) 2, 96–108 :

<https://doi.org/10.18485/meattech.2022.63.2.3>

Résumé

Cette étude avait pour but d'étudier, via une enquête en ligne, les habitudes/fréquences de consommation de viande et les préférences de plusieurs types de viande dans la région de Kabylie en Algérie et dans trois wilayas (Tizi-Ouzou, Bejaia, et Bouira). Ainsi, nous avons étudié spécifiquement dans ce travail, la consommation de la viande de chèvre par rapport à celle de l'ovin, bovin, cheval, dromadaire et volaille. L'objectif est de comprendre les facteurs sous-jacents de la perception et du comportement/décision d'achat de la viande de chèvre par le biais d'une enquête exploratoire sur une population de consommateurs de sexe homogène. L'enquête menée sur 665 participants a révélé que 95,6% d'entre eux sont des consommateurs de viande et de produits carnés (n = 636) contre 4,4% (n = 29) qui n'ont jamais consommé de viande. La majorité des répondants n'ont jamais consommé de viande de dromadaire (54,3%, n = 339) et de cheval (42,5%, n = 270). Parmi ceux qui consomment la viande de dromadaire, seuls 14 en consomment toujours (1,6%), et les autres parfois (35%) ou rarement (9,1%). Le poulet est la seule viande consommée par un nombre important de répondants (n = 534), et 84,0% d'entre eux en consomment toujours, suivi du bovin (56,6%) et de l'ovin (21,2%). La viande du poulet s'est avérée être la plus appréciée par rapport aux autres sources, tandis que les viandes de cheval et de dromadaire étaient les moins appréciées. La viande de chèvre semble être intermédiaire par rapport aux autres espèces, où elle n'est jamais consommée par 27,7% des répondants, et elle est surtout consommée parfois (44,8%, n = 285) ou rarement (20%, n = 127) et en générale appréciée. Cette étude est la première à mettre en évidence dans la région de Kabylie la tendance de la consommation de viande de plusieurs espèces, révélant que la viande significativement consommée est celle du poulet, suivie par le bovin et l'ovin. La viande de chèvre est faiblement consommée, tandis que les viandes de dromadaire et cheval ne le sont jamais ou rarement. Encourager la consommation de viande caprine comme une source alternative de protéines animales peut être considérée comme une approche durable.

Mots-clés : Consommation de viande, Enquête en ligne, Préférences et attentes des consommateurs, Elevage.

Goat meat consumption patterns and preferences in three provinces of Kabylia region in Algeria compared to other meat species: Results of an online survey

Melisa Lamri¹, Djamel Djenane¹, Mohammed Gagaoua^{2*}

Abstract: This study aimed to investigate, using an online survey, the patterns/frequency of meat consumption, and preferences from several meat types in Kabylia region in Algeria and within three provinces (Tizi-Ouzou, Bejaia, and Bouira). Thus, we specifically examined in this work the consumption of goat meat compared to lamb, beef, horse, camel, and chicken. The attempt is to understand the underlying factors of consumer perception and purchasing behaviour/decisions of goat meat through an exploratory survey on a homogenous gender consumer's population. The survey conducted on 665 respondents revealed that 95.6% of them are consumers of meat and meat products ($n = 636$) versus 4.4% ($n = 29$) that never consumed meat. The majority of the respondents never consumed both camel (54.3%, $n = 339$) and horse meats (42.5%, $n = 270$). Of those consuming camel meat, only 14 of them eat it always (1.6%), and the others sometimes (35%) or rarely (9.1%). Chicken is the only meat eaten by a significant number of the respondents ($n = 534$), and 84.0% of them consume it always, followed by beef (56.6%) and lamb (21.2%). Chicken was also found to be the most liked meat compared to other sources, while horse and camel meats were the less appreciated. Goat meat seemed to be intermediate compared to the other species, where it is never consumed by 27.7% of the respondents, and it is mainly consumed sometimes (44.8%, $n = 285$) or rarely (20%, $n = 127$) and, on average, appreciated. This study is the first to highlight in the Kabylia region the trend of meat consumption from several species, revealing that the significantly consumed meat is from chicken, followed by beef and lamb. Goat meat is weakly consumed, while camel and horse are never or rarely. Encouraging the consumption of goat meat as an alternative and valuable source of animal proteins can be seen as a sustainable approach.

Keywords: meat consumption, Algeria, survey, consumer preferences, livestock; online questionnaire.

Introduction

Meat is considered the main food source of protein and nutrients such as vitamins and minerals, making it an integral part of the human diet (Multari et al. 2015; Ahmad et al. 2018). On another hand, the consumers' preoccupations with purchasing meat products are multiple, which are mainly related to safety, nutrition, and health (Bernués et al. 2003; Gagaoua & Picard 2020; Kantonno et al. 2021; Gagaoua et al. 2022). The remarkable worldwide population growth in the past few years led to a significant increase in meat consumption in numerous countries, which also involved a rise in global meat demand and consumption from other species including goat (Kadim & Sahi 2018; Mazhangara et al. 2019). In fact, goat farming plays an integral part in red meat production and is a tool of importance for rural and national econom-

ic development (Webb & Casey, 2010; Chetroiu et al. 2013; Pophiwa et al. 2020). The hardiness of the goat also offers an alternative to red meat that favours the development of food systems adapted to climate change.

Goat meat is consumed in many countries, especially in developing ones, particularly in North Africa and Middle East countries, in Southeast Asia, where it takes an important place, as well as in the Caribbean and other tropical countries (Rodrigues & Teixeira, 2010). Goat meat is not only known for being an excellent high-quality protein source but also for its essential nutritional characteristics compared to other red meats such as beef and lamb (Lee et al. 2008). Goat meat has been established as lean meat with relatively low-fat content, cholesterol intake, and saturated fatty acids (Liu et al. 2013). These nutritional aspects qualify goat meat as a healthy product, especially with the healthy food

¹ Mouloud MAMMERI University, Laboratory of Food Quality and Food Safety, Department of Food Science, BP, 17, 15000, Tizi-Ouzou, Algeria;

² PEGASE, INRAE, Institut Agro, 35590 Saint-Gilles, France.

*Corresponding author: Mohammed Gagaoua, mohammed.gagaoua@inrae.fr

trend, where consumers are becoming more curious and concerned about the nutritional attributes of their food including meat sources (Resurreccion 2004; Mazhangara *et al.* 2019). Moreover, goat meat which is leaner compared to other red meats, has favourable sensory and visual appeal (Webb *et al.* 2005). Youth seemed also to be very aware of the different product values that goat meat provides, for instance among South African consumers (Ngomane *et al.* 2022). However, there is a perception among a certain number of consumers that goat meat is tough and too strongly flavoured (Webb *et al.* 2005; Webb & Casey, 2010; Jacques & Norwood 2017).

In Algeria, goat breeding is practiced in many areas of the country due to the adaptation capacity to harsh environments and climate changes. Goat meat provides for the local populations and consumers important and stable sources of proteins (essential amino acids) and essential nutrients. The number of estimated goats in Algeria is about 4.9 million in 2018 corresponding to 14% of the world ruminant livestock (FAOSTAT, 2018; Ouchene-Khelifi *et al.* 2015). With this very large number, goats occupy then a special place and a significant source of income for about 800,000 small farmers (Dekhili *et al.* 2013). Overall, goat meat is consumed in Algeria as fresh or as traditional meat products (Gaga-

oua & Boudechicha, 2018). Both are considered nutrient-rich products that ensure health and wellness (McAfee *et al.* 2010). Unlike the northern Mediterranean country, which has a more meat-rich diet, the consumption of red meat in Algeria is occasional and generally linked to celebrating traditional or religious events (Chikhi & Bencharif, 2016; Gagaoua & Boudechicha, 2018). However, to the best of our knowledge, there is a scarcity of studies focusing on the consumption pattern and perceptions of different meat sources (including goat) in Algeria and in the Kabylia region. In this context, we aimed by this first study to investigate the consumption trend of different meat sources in Kabylia within three central provinces: Tizi-Ouzou, Bejaia, and Bouira with a focus on goat meat consumption, compared to lamb, beef, horse, camel, and chicken meat types. Therefore, an online survey was conducted to achieve this lofty goal. We further examine in this paper the consumers' preferences towards the six different meat types as well as an evaluation of the perceptions and willingness to consume and buy goat meat. The ultimate objective of this work is to obtain the first overview of meat consumption patterns, consumers' purchase behaviour and preferences towards the targeted meat types in the Kabylia region.

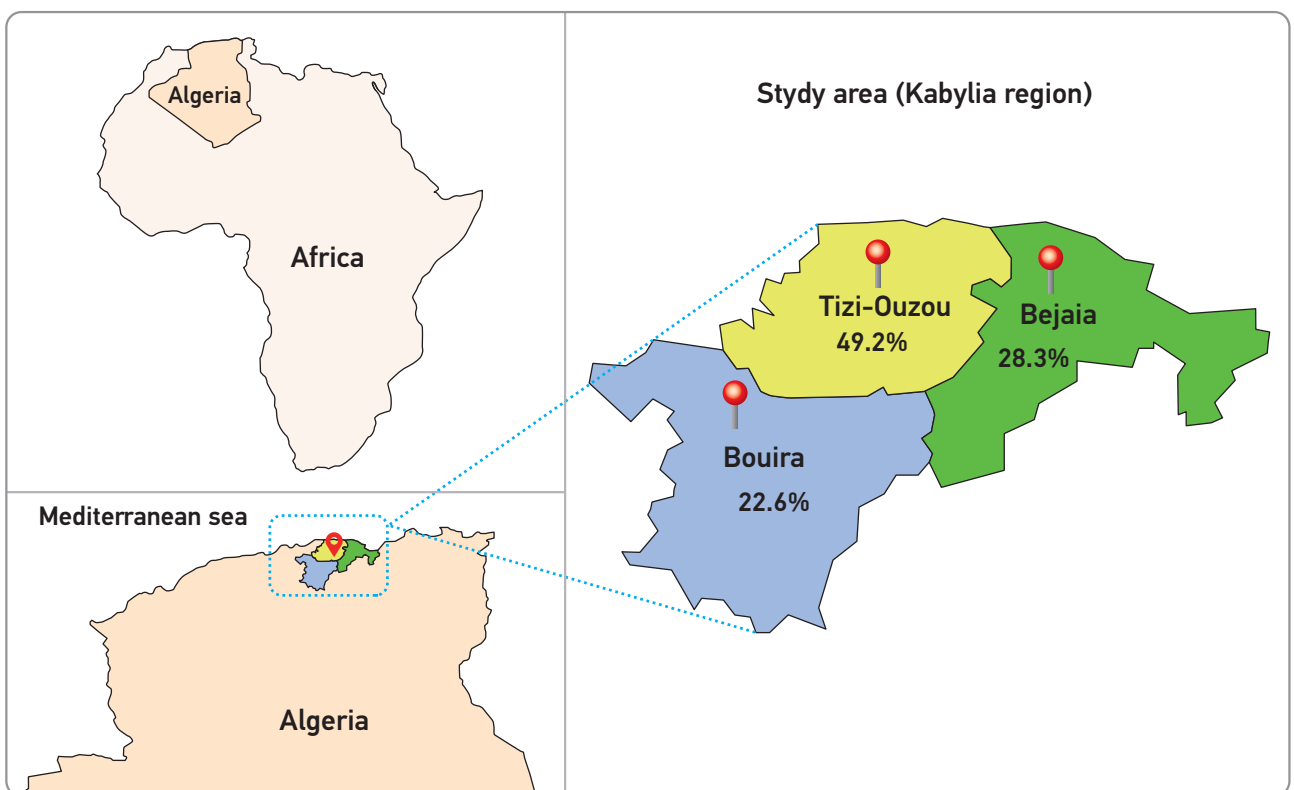


Figure 1. Study area and distribution of the 665 respondents who participated in the online survey from three provinces of the Kabylia region (north of Algeria).

Materials and Methods

Data collection using an online survey

The data of this study were based on a structured online survey at the consumer level, in Kabylia region, related to the consumption of goat meat compared to different other animal meat sources such as lamb, beef, horse, camel, and chicken. The study was conducted online from 31 March – 30 September 2020 using a questionnaire built through the Google forms database that was then shared using online platforms. The survey instruments were adapted from established scales to fit the context of this research that aims a better characterization of overall meat consumption, preferences, and frequencies with a focus on goat meat in Kabylia region, Algeria (Figure 1.). The questionnaire was developed and used in French language.

The data of this online survey were collected by convenience sampling on respondents from Kabylia region in Algeria, grouping three large provinces (Tizi-Ouzou, Bejaia, and Bouira) as illustrated in Figure 1. The survey questionnaire consists of two major sections including consumer experience and meat eating habits. The first section focused on all meat consumers and the second one on goat meat consumers. Among its different items, the first ones enquired the profiles of the respondents and their frequency and preferences of consumption of the six meat sources. We then asked for the i) gender of the respondents, ii) their province, iii) age, iv) employment/occupation, then their v) meat consumption, followed by the vi) frequency (pattern) of meat consumption and vii) preferences among six meat types. Only the participants eating goat meat were allowed to proceed further with the survey questionnaire. Thus, the rest of the questionnaire items were specific to goat consumers; including the i) reasons and frequency of goat meat consumption, ii) how they compare goat meat sensory attributes to other meat sources, iii) consumer experience and eating habits as well as consumer perception and purchasing toward goat meat in comparison to other meat sources. A progress bar was automatically added to stimulate respondents to finish the online survey.

Sample profile and data analyses

From the collected responses, 665 respondents were considered valid and useable. Data quality checks evaluated any outliers from the respondents' response time, thanks to clustering analyses, the respondents who answered to our questionnaire in a static manner were identified and eliminated. The

names and emails of the respondents were further scrutinized in each response to ensure that the same individuals were unable to take the survey more than one time. The data analyses were then all conducted in Microsoft Excel 2016 statistical software (Microsoft Corporation, Microsoft Office Excel 2016, USA). For research item questions, we reported the share of consumers in each item as appropriate using percentages. The graphs were elaborated with Microsoft Excel statistical software.

Results and discussion

The evaluation of consumer perception of goat meat has been the subject of numerous studies around the world, but few studies were conducted in Algeria. The main objective of this study was therefore to investigate for the first time the preferences and attitudes of consumers towards goat meat among other meat species in the Kabylia region of Algeria. Thus, this study aimed to identify the relevant consumer motivations towards goat meat, as well as the barriers to its consumption.

Socio-demographics of the meat consumers who participated in this study

Table 1. summarizes the demographic profile of the 665 respondents by describing their gender, distribution in the three provinces, selected age, occupations, and rather eating meat or not. From the total of respondents, 53.8% (n = 358) of them were male whereas 46.2% (n = 307) were female. The majority of the respondents were from Tizi-Ouzou province (n = 327, 49.2%), followed by 188 (28.3%) from Bejaia and 150 (22.6%) from Bouira (Figure 1.). The socio-demographic characteristics of consumers differed in terms of education and age (Table 1.). In terms of age distribution, the majority of the respondents were young, aged between 20– 30 years (63.5%), from which 24.7% were below 30 years. Around 12% were higher than 40 years. A large proportion of the respondents stated their occupations as employee (43.6%) working in different sectors such as teaching, doctors ...etc. Within this category a significant part was full-time student (40.0%) followed by professional freelance (9.8%). Finally, a minority of the respondents were unemployed (4.7%) or retired (2.0%). Consumption decisions are heavily influenced by one's degree of education and disposable income (Khara et al. 2021) as meat is an expensive commodity in Algeria. The education level of respondents varied from primary school to post-graduate level and majority of them having a minimum undergraduate degree.

Table 1. Description of the socio-demographics of the respondents who participated in the online survey (n = 665) from the Kabylia region.

| Variable | Categories | Frequencies | Percentages (%) |
|------------------|--------------------------|-------------|-----------------|
| Gender | Female | 307 | 46.2 |
| | Male | 358 | 53.8 |
| Province | Bejaia | 188 | 28.3 |
| | Bouira | 150 | 22.6 |
| | Tizi Ouzou | 327 | 49.2 |
| Age | <20 | 16 | 2.4 |
| | 20-30 | 406 | 61.1 |
| | 30-40 | 164 | 24.7 |
| | 40-50 | 47 | 7.1 |
| | 50-60 | 22 | 3.3 |
| Occupation | >60 | 10 | 1.5 |
| | Employee | 290 | 43.6 |
| | Full time student | 266 | 40.0 |
| | Freelance (Professional) | 65 | 9.8 |
| | Unemployed | 31 | 4.7 |
| Meat consumption | Retired | 13 | 2.0 |
| | Yes | 636 | 95.6 |
| | No | 29 | 4.4 |

Participant preferences, attitudes and beliefs towards meat consumption of different species

Meat consumption plays a major role in consumers' daily food intake. Our survey revealed that 4.4% of the respondents (n = 29) never consumed or are not consuming meat and a significant majority of 95.6% (636 responded) are meat eaters (Table 1.), but with divergent frequencies and preferences for the six meat types as discussed below. The trend towards the consumption of meat analogues and substitutes rather than animal proteins in Algeria is not known and cannot yet be considered, or it can be speculated as new. This might reflect the satisfaction of the consumers in eating their traditional meat-based dishes for which preferences are very high (Gagaoua & Boudechicha, 2018). The low number (4.4%) of non-meat eaters observed in this study seems to be in agreement with the current worldwide trends/shifts towards new meat alternatives (Boukid & Gagaoua, 2022), that are mainly from plant-based food products (Onwezen et al. 2021; Anusha Siddiqui et al. 2022). A shift/transition to consider meat alternatives in the diet of consumers offers new interest on vegetables/grains

and numerous surveys reported meat reducers and meat avoiders (Holm & Møhl, 2000; Possidónio et al. 2021). The percentage we identified in this survey is comparable to a recent Canadian survey where approximately 5.1% Canadians identified as vegans (Popoola et al. 2021). Different attributes and drivers can be involved in such decision-making or the shift to other protein sources. Meanwhile, it is worthy to note that fish and rabbit (and other animal protein sources such as eggs) were not considered in our survey to take any conclusion. Thus, further targeted studies in Algeria including in the Kabylia region are needed to better understand on one hand the origin of animal-proteins sources of the consumers and on the other hand, the main reasons and motivations of non-consumption of meat and meat products.

Based on the above results, the following focuses on the consumption pattern (frequencies) and preferences of the six different types of meat using the data collected from the 636 respondents eating at least one of the six meat types (Figure 2.). This question is important to better analyse the consumer profile of each type of meat to adapt the marketing mix to each

one and identify the motivations and beliefs of meat consumers. The results revealed that the respondents have divergent patterns in meat consumption and preferences towards goat, beef, lamb, chicken, horse and camel meats (Figure 2a.). It is known that patterns in meat consumption are unpredictable and changes were described to occur in the way consumers behave towards food (Grunert, 2006). For example, earlier studies reported that the consumption of goat among other meat types is variable and in certain cases households preferred to consume small ruminants' (goat and lamb) meat over beef (Juma et al. 2010).

In this study, chicken was found as the main meat eaten by all respondents, mostly always and highly appreciated (Figure 2b.), followed by beef and lamb meats (Figure 2a,b.). The preference towards chicken meat might be due to several factors likely its superior taste, affordability, health attributes, nutritional quality, and convenience of processing. These

findings align with the political guidelines in Algeria as, since the beginning of the 1980s, the Algerian Ministry of Agriculture oriented meat consumption to white meat as an alternative to beef and lamb for numerous economic and health reasons. Also, chicken contains low cholesterol and fat with very high omega-3 fatty acids (Fletcher, 2002). Furthermore, the high chicken consumption compared to other meat types could be ascribed to the relatively low price (most affordable type of meat available in the market) with typically convenient portions, hence making chicken as the most economical meat if the number of dishes cooked with meat is usually high. In agreement to our findings, Tomasevic et al. (2021) reported for Eastern European consumers that only 2.6 % avoid consumption of chicken meat, while the majority (51.7%) and more than half of them eat it on a fortnightly basis. Similarly, in India the contribution of meat from poultry was found very high (50%)

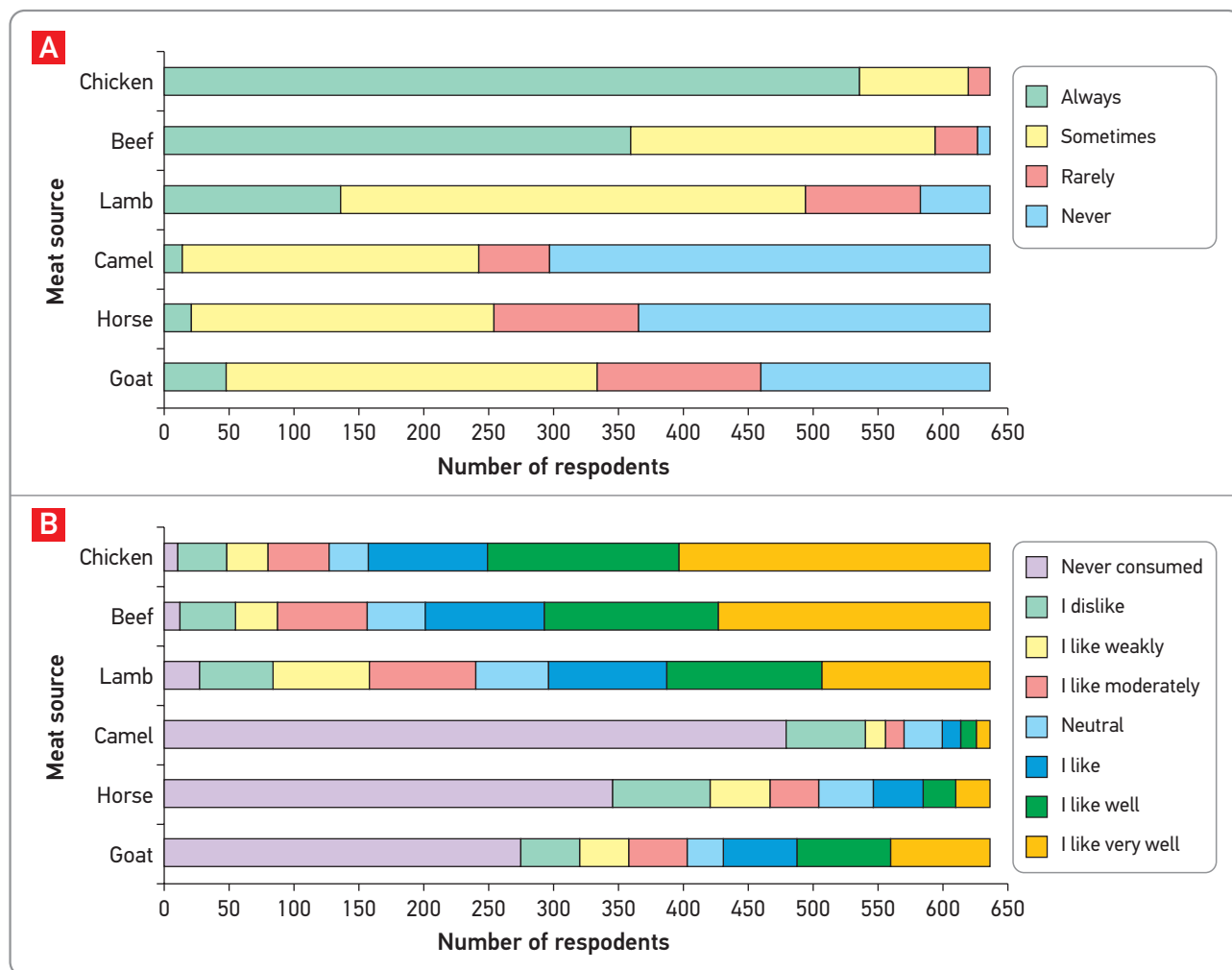


Figure 2. Frequency of consumption (A) and preferences (B) of goat meat compared to the meat sources listed in the online survey likely camel, lamb, beef, horse and chicken from the three provinces (Tizi-Ouzou, Béjaia and Bouira) in Kabylia region.

followed by buffalo (19%), goat (14%), sheep (8%), pig (5%) and cattle (4%) (Mohan *et al.* 2022). Among Canadian consumers, the study by Popoola *et al.* (2021) reported that the most frequently consumed meat was poultry, followed by beef and pork, while only a small proportion of participants consumed lamb frequently. Inversely to these studies including our survey, Australian consumers were described to allocate 44% of the meat expenditure on beef, 24% on pork, 20% on chicken, 12% on lamb, and very little on mutton (Wong *et al.* 2015). A Spanish consumers study reported that beef and turkey meats were associated to the consumers' food-related lifestyle (Escriba-Perez *et al.* 2017).

Horse and camel meats were found as being not well appreciated or eaten by the consumers from Kabylia region (Figure 2b.), hence representing the lowest proportions (Figure 2a). This result may be explained by the meat-eating habits of the consumers of this region towards those meats that are not produced locally or because they are not dominating the main dishes of this region. The limited availability of horse and camel meats may have contributed to lower familiarity scores as the per capita consumption of other meats in Algeria and the disparity that might exist for camel meat availability and consumption between the North and South of country (camel is more dominant in the South) with different tradition, cultures, lifestyles and habits. In fact, culture, traditions, and taboos all play an important role in determining how much or which type of meat can be eaten in a society (Bernués *et al.* 2012; della Malva *et al.* 2022), especially in rural areas such as Kabylia. Food neophobia (reluctance to try or avoidance of new food) and food variety seeking (tendency to seek variety in food choice) (Pliner & Hobden, 1992) impact behaviour towards unfamiliar meat products that can be the case of horse and camel meats. However, it is important to mention that research on Algerian consumers' perception of horse and camel meat is limited and, to the best of our knowledge, none of the few available studies has focused on understanding consumers' perception of these meats. On another hand, consumers have perceptions about a food, which influence their decision to accept or reject it. Consumers' tendency to avoid unfamiliar meat products can be attributed to a distaste for their sensory attributes, fear of the negative consequences of their consumption, a sense of repulsion for the source of the food, and the mental classification of the food as inappropriate (Derinalp Çanakçı & Birdir, 2020). This was recently described in a survey among Canadian consumers for which horse meat was unfamiliar to 80% of the participants

(Popoola *et al.* 2021). In fact, the horse was perceived as a companion animal and the dominant perception of its meat was then judged unacceptable for eating. According to Belaunzaran *et al.* (2015), the consumption of horse meat has been mainly interrupted throughout history due to three major reasons related to religion, social and/or culture.

Finally, goat meat seemed to be intermediate compared to the other meat types (species), where it is never consumed by 27.7% of the respondents, and it is mostly consumed sometimes (44.8%, $n = 285$) or rarely (20%, $n = 127$) and on average, it is well appreciated. These data allow an initial concept of the behaviour of consumers concerning goat meat consumption. Compared to the other species namely chicken, beef and lamb, less scientific investment has been made towards improving the productivity of goats (Dhanda *et al.* 2003). This maybe one major reason that relegated goats to low economic value, hence driving the preference of consumers for other meat types. Compared to other studies, our findings are in line to European consumers of goat meat consumptions that were significantly lower than for other types of meat likely chicken and beef (Mandolesi *et al.* 2020). On another hand, it is worthy to mention that in Africa including in Algeria, the demand for goat meat consumption is very much linked to household income and the market price of this meat (Dubeuf *et al.* 2004; Juma *et al.* 2010; Teixeira *et al.* 2020).

Goat meat consumption and consumer purchase behaviour

Based on the 636 meat consumers, only 362 respondents (56.9%) declared consuming goat meat (Table 2.). Thus, the rest of our survey focused on goat meat consumers only. Surprisingly, goat meat consumption was found to be very low in Kabylia region with about 45% of respondents consuming it only once a year and 44.2% consuming it monthly or seasonally (combined), and only less than 10% declared consuming it once every two weeks or weekly (Table 2.). Our results are globally in line with the goat meat consumption rate of Turkish households based on several surveys (Kosum *et al.* 2019). Available research suggests also that the demand for goat meat is influenced by consumers' age, gender, household sized, and marital status (Nelson *et al.* 1999; McLean-Meynsse, 2003). The familiarity to goat products would be another important reason of low goat meat consumptions. Accordingly, the perception of goat meat quality amongst American consumers was found to differ

Table 2. Characteristics, perception and behaviour of goat meat consumption by the respondents who eat meat (n = 636) from the Kabylia region.

| Variable | Categories | Frequencies | Percentages (%) |
|---|-------------------------------------|-------------|-----------------|
| Goat meat consumers | Yes | 362 | 56.9 |
| | No | 274 | 43.1 |
| Frequency of goat meat consumption | Once per week | 21 | 5.8 |
| | Once per 2 weeks | 18 | 5.0 |
| | Once per month | 60 | 16.6 |
| | Once per season | 100 | 27.6 |
| | Once a year | 163 | 45.0 |
| Raisons of goat meat consumption | No specific raison | 274 | 43.1 |
| | Price | 47 | 13.0 |
| | Taste | 188 | 51.9 |
| | Nutritional values | 230 | 63.5 |
| | Safety | 114 | 31.5 |
| Which of these sensory attributes do you judge different in cooked goat meat comparable to other species? | Others ¹ | 34 | 9.4 |
| | Colour | 64 | 17.7 |
| | Taste | 294 | 81.2 |
| | Texture (tenderness) | 207 | 57.2 |
| | Flavour | 112 | 30.9 |
| Reasons of goat meat consumption | Traditional and religious events | 180 | 49.7 |
| | Restaurant | 111 | 30.7 |
| | Cooking at home | 7 | 1.9 |
| How do you judge the frequency of goat meat consumption? | No specific raison | 189 | 52.2 |
| | Low | 143 | 39.5 |
| | Medium | 169 | 46.7 |
| | High | 45 | 12.4 |
| Reasons for the weak goat meat consumption | Very high | 5 | 1.4 |
| | Strong taste | 89 | 24.6 |
| | High price | 98 | 27.1 |
| | Availability | 183 | 50.6 |
| How do you judge the price of goat meat? | Culinary habits | 186 | 51.4 |
| | Ignorance of its nutritional values | 198 | 54.7 |
| | Low | 19 | 5.2 |
| | Acceptable | 180 | 49.7 |
| | High | 163 | 45 |

Legend: ¹ The main other reasons were for curiosity, the only meat available, familial traditions.

based on product familiarity, with consumers that grew up eating goat meat holding positive perceptions and neophobia being experienced by those that were unfamiliar (Ekanem *et al.* 2013). These percentages further highlight that goat meat is underutilised, which can be the consequence of the low societal awareness on the beneficial nutritional value of this meat as previously evidenced (Marandure *et al.* 2020). In support of this, Melody and Amit Kumar (2021) confirmed that the nutrient content of goat meat is undervalued by many consumers and suggested that educating consumers about this added value should be emphasized in marketing communication to encourage them to increase their frequency of consumption. In agreement to this and from the respondents consuming goat meat, our survey reported that the main reasons of purchase/consumption are for its nutritional values (63.5%), followed by taste (51.9%) and other reasons (43.1%): such as the curiosity, the only meat available and for familial traditions. The study carried out by Ekanem *et al.* (2013), reported a percentage of 56% of the respondents considered the nutritional value of goat meat when buying it. Moreover, the study reported that 60% of the participants are willing to buy more goat meat if additional information on its nutritional value was made available. Another study confirmed the motivation of consumers to pay a premium for goat meat for which they had a guarantee of its nutritional and food safety (Ibrahim *et al.* 2018). Based

on these aspects, we can suppose that the major reasons for poor goat meat familiarity and consumption are related to marketing, lack of organized production, and consumption pattern. Thus, raising awareness of the constructive and beneficial effects of goat meat through direct or indirect means can be considered the first step toward improving the supply of such a valuable animal protein source.

In agreement to earlier studies (Webb *et al.* 2005), respondents declared that the most significant differences of goat meat compared from other types of cooked meat were related to the sensory attributes: taste (81.2%), tenderness (57.2%), flavour (30.9%) and weakly in terms of colour (17.7%). In comparison to lamb meat, an earlier study reported that goat meat was tougher with high connective tissue amounts (Schönfeldt *et al.* 1993). However, it is important to note that such differences are depending on the animal type, breed, age at slaughter and production system (Gagaoua *et al.*, 2016; Pophiwa *et al.* 2020; Teixeira *et al.* 2020; Gagaoua *et al.*, 2022). A total of 49.7% of the respondents declared that they mostly consume goat meat during religious and socio-cultural events (Table 2.) such as family celebrations, or religious feasts of the sacrifice “*Aid Al Adha*”, birth of a child, circumcisions and for welcoming visitors. This is in agreement to the habits and practices related to the consumption of meat and traditional meat products in several African countries including Algeria (Gagaoua & Boudechicha 2018; Marius *et al.*

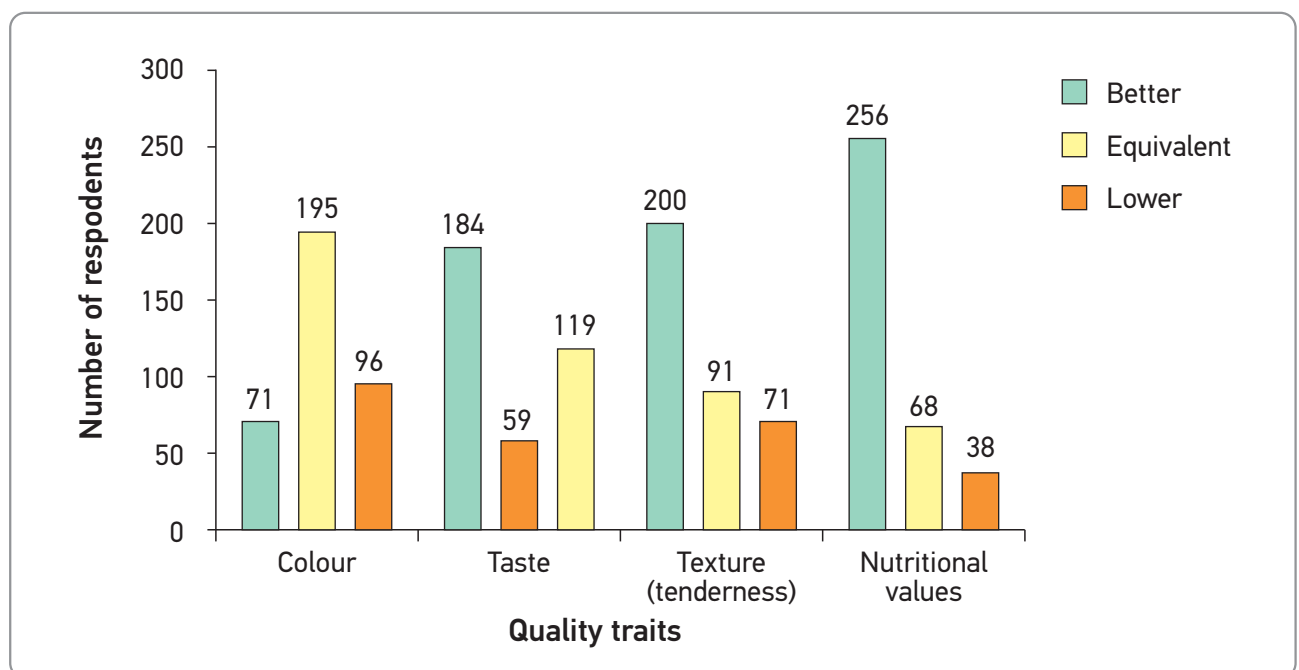


Figure 3. Comparison of the evaluation and appreciation of goat meat sensory and nutritional attributes from the surveyed respondents eating goat meat (n = 362) to beef meat.

2020). Further, this is maybe because Algerian people like to eat and share food with family and eating goat meat at this event could enhance the relationships and enjoy better the celebrations. Overall, the respondents judged low to medium the consumption of goat meat, explaining this trend by several reasons, likely culinary habits (51.4%), its non-availability (50.6%), high price and the fact that most consumers are not aware of its nutritional value importance.

Evaluation of goat meat quality by the respondents and consumers purchase behaviour

The determinants of goat meat purchase, consumption, and meat quality attributes evaluation are multiple and the analysis of the consumer perceptions is critical for understanding and forecasting consumer behaviour (Grunert et al. 2004). Therefore, for a better understanding on how respondents evaluate goat meat in relation to certain intrinsic qualities of meat (nutritional and sensory attributes) compared to other types of meat, we focused on beef as an example (Figure 3.). It appears that the majority of the respondents rate the colour of goat meat as equivalent to beef, but better in terms of tenderness and taste, and as expected significantly better in terms of nutritional attributes related to goat (Res-

urreccion, 2004; Liu et al. 2013; Mazhangara et al. 2019). Nevertheless, a number of consumers consider goat meat to being inferior in colour, texture and taste compared to beef (Figure 3.). A general belief that goat meat is inferior to beef sensory qualities was reported in earlier studies (Babiker et al. 1990). In another study, goat meat was reported to be equivalent in flavour but less tender and overall less palatable than beef when samples of comparable maturity and fatness were compared (Smith et al. 1974). Consumers judge that a better satisfaction of their needs by adding goat meat to their diets for its nutritional value and the lowest fat content, hence making it a healthy choice compared to other meat sources (Mandolesi et al. 2020). The health aspect is a common reason for changing consumption habits and seemed in this study of significant role to consumers from Kabylia region. Overall, it is known that consumers tend to view meat as a healthy and important part of the diet to provide them with needed nutrients such as proteins and vitamins (Verbeke et al. 2010).

The decisions to purchase meat by consumers are influenced by meat consumption properties and quality attributes (Font-i-Furnols & Guerrero, 2014). The purchase criteria described in this survey by the respondents for goat meat were in the following order: freshness and tenderness in the first place, followed

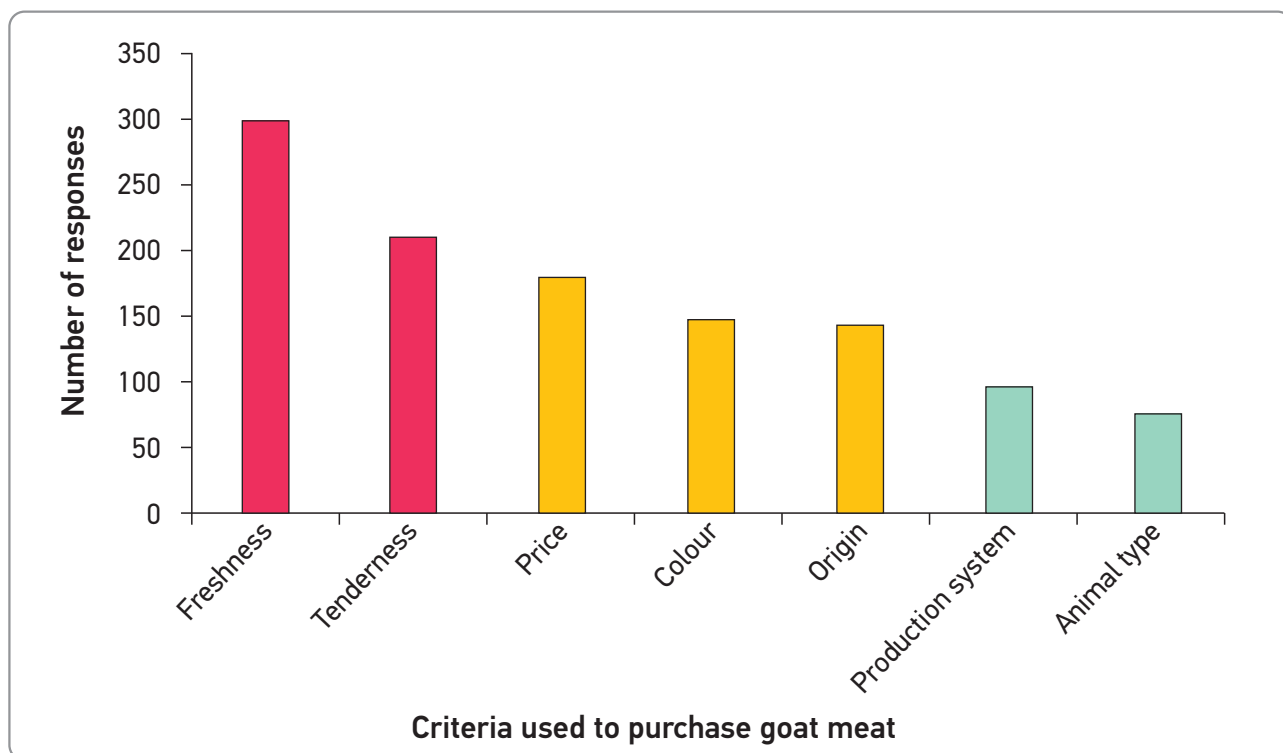


Figure 4. The main criteria used by the surveyed respondents to purchase goat meat. The criteria were ranked based on the number of responses, knowing that the respondents were given the liberty to score more than one parameter.

by price, colour and origin, and finally the production system and information on the animal type (Figure 4.). According to a recent study, Chinese consumers consider freshness not only as one of the most crucial factors in buying red meat, but also as a primary safety criterion, hence allowing to evaluate its quality and safety (Kantono *et al.* 2021). Consumers also relate freshness (product credibility or ‘credence’) to colour, which indicates deterioration and freshness loss, hence ranking colour as an essential driver of meat purchases (Mancini & Hunt 2005; Gracia & de-Magistris, 2013). Among Indian consumers, freshness of meat would be decided mainly by tenderness and colour (Mohan *et al.* 2022). Respondents also revealed in our survey that tenderness is another major cue influencing their purchase decision of goat meat. In fact, tenderness is the leading indicator of meat quality and the main factor worldwide described to influence meat product processing and consumer acceptance (Gagaoua *et al.* 2019; Gagaoua *et al.* 2021). Regardless of all sensory and nutritional attributes, price remains a critical parameter and was ranked by respondents in third place with a significant number (45%) rating prices as very high and not affordable and very few as low (Table 2.). Indeed, price is known as a key factor to consumers for purchasing meat including that from small ruminants (Ward *et al.* 1995; Hoffman *et al.* 2005). Finally, the comparison of the major intrinsic sensory quality traits (colour, tenderness, taste and flavour) of goat meat to other meat types in terms of

their importance is given in Figure 5. The respondents seemed to compare similar/equivalent the quality attributes of goat meat to those of lamb. However, colour was the only trait identified by the consumers to be similar to that of beef. This can be related to the type of muscle, mostly characterized as red.

Conclusions

This study is the first to highlight in Kabylia region and within its three provinces (Tizi-Ouzou, Bejaia, and Bouira) the trend of meat consumption from several species, revealing that the main consumed meat is chicken followed by beef and lamb. Goat meat, which is the focus of our study, is consumed to a small extent, while horse and camel meats are never or rarely consumed. Overall, it was found that the purchase and/or consumption of meat is done where it is produced, which is the case in our study area. Consumers’ perception and purchase behaviour of goat meat in Kabylia region was then investigated in a sub-population of the survey. Further studies are needed to confirm our findings and to explore the antecedents of these attitudes in larger samples and on special populations looking for special attributes. Encouraging the consumption of goat meat as an alternative and valuable source of animal proteins can be seen as a sustainable approach. In fact, goats can contribute to sustainable and productive use of water resources if their efficiency is

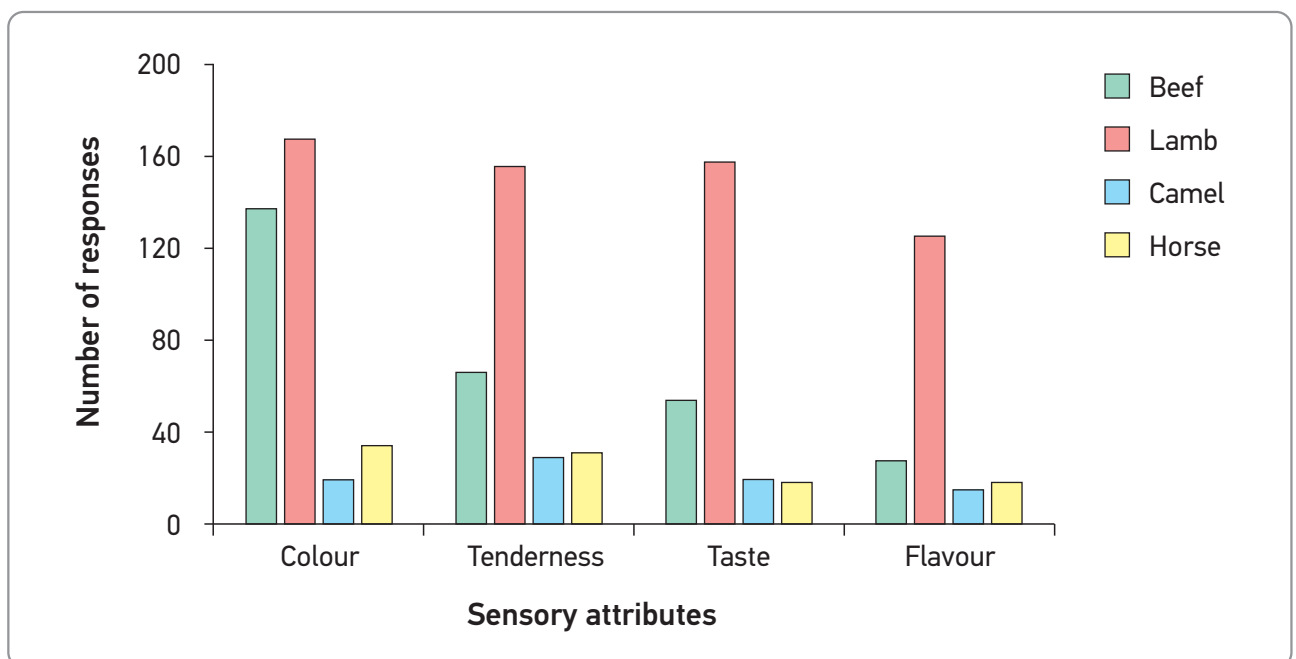


Figure 5. Comparison of the major intrinsic sensory quality traits of goat meat to red meat species in terms of their importance.

improved by better adapted research and more efficient extension service. Therefore, the Algerian goat industry has great potential to grow in the market. Additionally, goat production entails lower methane emissions compared to other domestic ruminants, therefore this could contribute to the mitigation of

climate change in red meat production. However, few strategies are needed to increase the consumption of goat meat. For example, a better communication on the benefits related to the healthiness of goat meat and the provision of more detailed information on its characteristics would be very helpful.

Obrasci potrošnje kozjeg mesa i preference u tri provincije regiona Kabilija u Alžiru, u poređenju sa drugim vrstama mesa: rezultati onlajn ankete

Melisa Lamri, Djamel Djenane, Mohammed Gagaoua

A p s t r a k t: Ova studija je imala za cilj da, koristeći onlajn anketu, istraži obrasce/učestalost konzumacije mesa i preference nekoliko vrsta mesa u regionu Kabilija u Alžiru, i unutar tri provincije (Tizi-Ouzou, Bejaia i Bouira). U ovom radu je posebno ispitana potrošnja kozjeg mesa u odnosu na jagnjeće, goveđe, konjsko meso, kao i kamilje meso i piletinu. Korišćenjem istraživačke ankete na homogenoj populaciji potrošača po polu, pokušali smo da objasnimo/razumemo osnovne faktore percepcije potrošača i kupovnog ponašanja/odluka pri kupovini kozjeg mesa. Istraživanje sprovedeno na 665 ispitanika pokazalo je da su 95,6% ispitanika potrošači mesa i mesnih prerađevina ($n = 636$), a da 4,4% ($n = 29$) nikada nisu konzumirali meso. Većina ispitanika nikada nije konzumirala meso kamile (54,3%, $n = 339$), kao ni konjsko meso (42,5%, $n = 270$). Od onih koji konzumiraju kamilje meso, samo 14 ga stalno konzumira (1,6%), a ostali ponekad (35%) ili retko (9,1%). Piletina je jedino meso koje jede značajan broj ispitanika ($n = 534$), od kojih 84,0% ga stalno konzumira, zatim goveđe (56,6%) i jagnjeće (21,2%). Piletina je takođe bila najomiljenije meso u poređenju sa drugim vrstama, dok su konjsko i kamilje meso manje cenjeno. Kozje meso je bilo srednje, u odnosu na ostale vrste, 27,7% ispitanika ga nikada ne konzumira, i uglavnom se konzumira ponekad (44,8%, $n = 285$) ili retko (20%, $n = 127$) i, prosečno je cenjeno. Ova studija je prva koja je u regionu Kabilija istakla trend potrošnje mesa nekoliko vrsta, otkrivajući da se značajno konzumira piletina, a zatim goveđe i jagnjeće meso. Kozje meso se slabo konzumira, a kamilje i konjsko meso, nikad ili retko. Podsticanje konzumiranja kozjeg mesa kao alternativnog i vrednog izvora životinjskih proteina može se posmatrati kao održiv pristup.

Cljučne reči: potrošnja mesa, Alžir, anketa, preference potrošača, stoka, online upitnik.

Disclosure statement: No potential conflict of interest was reported by the authors.

Funding: This research did not receive any funding from the public, commercial or not-for-profit sectors. The study was exclusively conducted under the PhD thesis of the first author Melisa Lamri who as a PhD scholar is supported by Université Mouloud Mammeri. This study does not belong to any project.

Acknowledgements: The authors would like to thank the survey respondents for generously giving their time and sharing their experiences on meat consumption.

References

- Ahmad, R. S., Imran A. & Hussain, M. B. (2018). Nutritional composition of meat. *Meat science and nutrition* 61, <http://dx.doi.org/10.5772/intechopen.71954>.
- Anusha Siddiqui, S., Bahmid, N. A., Mahmud, C. M. M., Boukid, F., Lamri, M. & Gagaoua M. (2022). Consumer acceptability of plant-, seaweed-, and insect-based foods as alternatives to meat: a critical compilation of a decade of research. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 1–22, DOI: 10.1080/10408398.2022.2036096.
- Babiker, S. A., El Khider, I. A. & Shafie, S. A. (1990). Chemical composition and quality attributes of goat meat and lamb. *Meat Science*, 28, 273–277.
- Belaunzaran, X., Bessa, R. J. B., Lavín, P., Mantecón, A. R., Kramer, J. K. G. & Aldai, N. (2015). Horse-meat for human consumption — Current research and future opportunities. *Meat Science*, 108, 74–81.
- Bernués, A., Olaizola, A. & Corcoran, K. (2003). Labelling information demanded by European consumers and relationships with purchasing motives, quality and safety of meat. *Meat Science* 65, 1095–106.
- Bernués, A., Ripoll, G. & Panea, B. (2012). Consumer segmentation based on convenience orientation and attitudes towards quality attributes of lamb meat. *Food Quality and Preference*, 26, 211–220.

- Boukid, F. & Gagaoua, M. (2022).** Chapter Seven - Meat alternatives: A proofed commodity? In: *Advances in Food and Nutrition Research* (ed. by J. Wu), pp. 213–36. Academic Press.
- Chetroiu, R., Călin, I. & Niculescu, C. G. (2013).** World-wide trends and orientations of raising goats. In: *Agrarian Economy and Rural Development-Realities and Perspectives for Romania. 4th Edition of the International Symposium, November 2013, Bucharest*, pp. 100–6. Bucharest: The Research Institute for Agricultural Economy and Rural.
- Chikhi, K. & Bencharif, A. (2016).** La consommation de produits carnés en Méditerranée: quelles perspectives pour l'Algérie? In: *The value chains of Mediterranean sheep and goat products. Organisation of the industry, marketing strategies, feeding and production systems* (ed. by H. Ben Salem, J.P. Boutonnet, D. Gabiña, A. López-Francos & M. Napoléone), pp. 435–40. Zaragoza : CIHEAM.
- Dekhili, M., Bounechada, M. & Mannalah, I. (2013).** Multivariate analyses of morphological traits in Algerian goats, Sétif, north-eastern Algeria. *Animal Genetic Resources/Recursos genéticos animales/Recursos genéticos animales*, 52, 51–57.
- della Malva, A., Gagaoua, M., Santillo, A., De Palo, P., Sevi, A. & Albenzio, M. (2022).** First insights about the underlying mechanisms of Martina Franca donkey meat tenderization during aging: A proteomic approach. *Meat Science*, 193, 108925.
- Derinalp Çanakçı, S. & Birdir, K. (2020).** The relation among food involvement, food variety seeking and food neophobia: A study on foreign tourists visiting Turkey. *Current Issues in Tourism*, 23, 917–28.
- Dhanda, J. S., Taylor, D. G., Murray, P. J., Pegg, R. B. & Shand, P. J. (2003).** Goat Meat Production: Present Status and Future Possibilities. *Asian-Australas Journal of Animal Science*, 16, 1842–1852.
- Dubeuf, J. P., Morand-Fehr, P. & Rubino, R. (2004).** Situation, changes and future of goat industry around the world. *Small Ruminant Research*, 51, 165–73.
- Ekanem, E., Mafuyai-Ekanem, M., Taguegne, F., Singh, S. & Favors, D. (2013).** Goat meat consumer preferences: implications for goat meat marketing in metropolitan Nashville, Tennessee area. *Journal of Food Distribution Research*, 44, 1–9.
- Escriba-Perez, C., Baviera-Puig, A., Buitrago-Vera, J. & Montero-Vicente, L. (2017).** Consumer profile analysis for different types of meat in Spain. *Meat Science*, 129, 120–126.
- Fletcher, D. L. (2002).** Poultry meat quality. *World's Poultry Science Journal*, 58, 131–145.
- Font-i-Furnols, M. & Guerrero, L. (2014).** Consumer preference, behavior and perception about meat and meat products: an overview. *Meat Science*, 98, 361–371.
- Gagaoua, M., Terlouw, E. M. C., Micol, D., Hocquette, J. F., Moloney, A. P., Nuernberg, K., Bauchart, D., Boudjellal, A., Scollan, N. D., Richardson, R. I. & Picard, B. (2016).** Sensory quality of meat from eight different types of cattle in relation with their biochemical characteristics. *Journal of Integrative Agriculture*, 15, 1550–1563.
- Gagaoua, M. & Boudechicha, H.-R. (2018).** Ethnic meat products of the North African and Mediterranean countries: An overview. *Journal of Ethnic Foods*, 5, 83–98.
- Gagaoua, M., Duffy, G., Álvarez García, C., Burgess, C., Hamill, R., Crofton, E. C., Botinestean, C., Ferragina, A., Cafferky, J., Mullen, A. M. & Troy, D. (2022).** Current research and emerging tools to improve fresh red meat quality. *Irish Journal of Agricultural and Food Research*, 1–23. DOI: 10.15212/ijafr-2020-0141
- Gagaoua, M., Monteils, V., Couvreur S. & Picard, B. (2019).** Beef Tenderness Prediction by a Combination of Statistical Methods: Chemometrics and Supervised Learning to Manage Integrative Farm-To-Meat Continuum Data. *Foods*, 8, 274.
- Gagaoua, M. & Picard, B. (2020).** Current Advances in Meat Nutritional, Sensory and Physical Quality Improvement. *Foods*, 9, 321.
- Gagaoua, M., Terlouw, E. M. C., Mullen, A. M., Franco, D., Warner, R. D., Lorenzo, J. M., Purslow, P. P., Gerrard, D., Hopkins, D. L., Troy, D. & Picard, B. (2021).** Molecular signatures of beef tenderness: Underlying mechanisms based on integromics of protein biomarkers from multi-platform proteomics studies. *Meat Science*, 172, 108311.
- Gracia, A. & de-Magistris, T. (2013).** Preferences for lamb meat: A choice experiment for Spanish consumers. *Meat science*, 95, 396–402.
- Grunert, K. G. (2006)** Future trends and consumer lifestyles with regard to meat consumption. *Meat Science*, 74, 149–60.
- Grunert, K.G., Bredahl, L. & Brunsø, K. (2004).** Consumer perception of meat quality and implications for product development in the meat sector—a review. *Meat Science*, 66, 259–272.
- Hoffman, L., Muller, M., Schutte, D.W., Calitz, F. & Crafford, K. (2005).** Consumer expectations, perceptions and purchasing of South African game meat. *South African Journal of Wildlife Research-24-month delayed open access*, 35, 33–42.
- Holm, L. & Möhl, M. (2000).** The role of meat in everyday food culture: an analysis of an interview study in Copenhagen. *Appetite*, 34, 277–283.
- Ibrahim, M., Onyango, B. M., Pattanaik, N. & Liu, X. (2018).** Current Trends, US Immigration Policies, and Marketing Strategies for Goat Meat. *Journal of Food Distribution Research*, 49, 70–77.
- Jacques, K. & Norwood, F. B. (2017).** Consumer preference for goat meat in a blind sensory analysis. *Sheep & Goat Research Journal*, 32, 28–35.
- Juma, G. P., Ngigi, M., Baltenweck, I. & Drucker, A. G. (2010).** Consumer demand for sheep and goat meat in Kenya. *Small Ruminant Research*, 90, 135–138.
- Kadim, I. T. & Sahi, A. B. A. (2018).** Health aspects of camel meat: a review of literature. *Advances in Animal and Veterinary Sciences*, 6, 271–272.
- Kantono, K., Hamid, N., Ma Q., Chadha, D. & Oey, I. (2021).** Consumers' perception and purchase behaviour of meat in China. *Meat Science*, 179, 108548.
- Khara, T., Riedy, C. & Ruby, M. B. (2021).** A cross cultural meat paradox: A qualitative study of Australia and India. *Appetite*, 164, 105227.
- Kosum, N., Taskin, T., Engindeniz, S. & Kandemir, Ç. (2019).** Goat meat production and evaluation of its sustainability in Turkey. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 56, 395–407.
- Lee, J., Kouakou, B. & Kannan, G. (2008).** Chemical composition and quality characteristics of chevon from goats fed three different post-weaning diets. *Small Ruminant Research*, 75, 177–184.

- Liu, X., Nelson, M. & Styles, E. (2013). Validating the demand for goat meat in the US meat market. *Agricultural Sciences*, 4, 549.
- Mancini, R. & Hunt, M. (2005). Current research in meat color. *Meat science*, 71, 100–21.
- Mandolesi, S., Naspetti, S., Arsenos, G., Caramelle-Holtz, E., Latvala, T., Martin-Collado, D., Orsini, S., Ozturk, E. & Zanoli, R. (2020). Motivations and Barriers for Sheep and Goat Meat Consumption in Europe: A Means–End Chain Study. *Animals*, 10, 1105.
- Marandure, T., Dzama, K., Bennett, J., Makombe, G., Chikwanha, O. & Mapiye, C. (2020). Farmer challenge-derived indicators for assessing sustainability of low-input ruminant production systems in sub-Saharan Africa. *Environmental and Sustainability Indicators*, 8, 100060.
- Marius, L. N., Shipandeni, M. N. T. & Togarepi, C. (2020). Review on the status of goat production, marketing, challenges and opportunities in Namibia. *Tropical Animal Health and Production*, 53, 30, <https://doi.org/10.1007/s11250-020-02468-3>.
- Mazhangara, I. R., Chivandi, E., Mupangwa, J. F. & Muchenje, V. (2019). The Potential of Goat Meat in the Red Meat Industry. *Sustainability*, 11, 3671.
- McAfee, A.J., McSorley, E.M., Cuskelly, G. J., Moss B.W., Wallace J. M., Bonham M. P. & Fearon A. M. (2010). Red meat consumption: An overview of the risks and benefits. *Meat Science* 84, 1–13.
- McLean-Meynsse, P. E. (2003). Factors influencing consumption or willingness to consume a variety of goat-meat products. *Journal of Food Distribution Research*, 34, 72–79.
- Melody, L. & Amit, Kumar S. (2021). Goat Meat: No Less Source of Protein in Comparison to Other Meat for Human Consumption. In: *Goat Science - Environment, Health and Economy* (ed. by K. Dr. Sándor), p. Ch. 13. IntechOpen, Rijeka.
- Mohan, K., Maheswarappa, N. B. & Banerjee, R. (2022). Exploring the dynamics of women consumer preference, attitude and behaviour towards meat and meat products consumption in India. *Meat Science*, 193, 108926.
- Multari, S., Stewart, D. & Russell, W. R. (2015). Potential of fava bean as future protein supply to partially replace meat intake in the human diet. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 14, 511–522.
- Nelson, M. C., Brown, Jr N., Mobini, S., Gelaye, S. & Leak, S. (1999). Production and Marketing Challenges for Goat Producers: Implication for Supply and Demand. In: *Professional Ag Workers Conference (PAWC)*.
- Ngomane, M., Tsvakirai, C. Z. & Mlambo, V. (2022). Improving the marketing of goat meat to youths in South Africa. *Small Ruminant Research*, 214, 106760.
- Onwezen, M.C., Bouwman, E. P., Reinders, M. J. & Dagevos, H. (2021). A systematic review on consumer acceptance of alternative proteins: Pulses, algae, insects, plant-based meat alternatives, and cultured meat. *Appetite*, 159, 105058.
- Ouchene-Khelifi, N.-A., Ouchene, N., Maftah, A., Da Silva, A. B. & Lafri, M. (2015). Assessing admixture by multivariate analyses of phenotypic differentiation in the Algerian goat livestock. *Tropical Animal Health and Production*, 47, 1343–1350.
- Pliner, P. & Hobden, K. (1992). Development of a scale to measure the trait of food neophobia in humans. *Appetite*, 19, 105–120.
- Pophiwa, P., Webb, E. C. & Frylinck, L. (2020). A review of factors affecting goat meat quality and mitigating strategies. *Small Ruminant Research*, 183, 106035.
- Popoola, I. O., Anders, S., Feureisen, M. M., Savarese, M. & Wismer, W. V. (2021). Free word association perceptions of red meats; beef is ‘yummy’, bison is ‘lean game meat’, horse is ‘off limits’. *Food Research International*, 148, 110608.
- Possidónio C., Prada M., Graça J. & Piazza J. (2021). Consumer perceptions of conventional and alternative protein sources: A mixed-methods approach with meal and product framing. *Appetite*, 156, 104860.
- Resurreccion, A. (2004). Sensory aspects of consumer choices for meat and meat products. *Meat science*, 66, 11–20.
- Rodrigues, S. & Teixeira, A. (2010). Consumers’ preferences for meat of Cabrito Transmontano. Effects of sex and carcass weight. *Spanish Journal of Agricultural Research*, 8, 936–945.
- Schönfeldt, H. C., Naudé, R. T., Bok, W., van Heerden, S. M., Smit, R. & Boshoff, E. (1993). Flavour- and tenderness-related quality characteristics of goat and sheep meat. *Meat Science*, 34, 363-79.
- Smith, G. C., Pike, M. I. & Carpenter Z. L. (1974). Comparison of the palatability of goat meat and meat from four other animal species. *Journal of Food Science*, 39, 1145–1146.
- Teixeira, A., Silva, S., Guedes, C. & Rodrigues, S. (2020). Sheep and Goat Meat Processed Products Quality: A Review. *Foods*, 9, 960.
- Tomasevic, I., Solowiej, B. G., Djordjevic, V., Vujadinovic, D. & Djekic, I. (2021). Attitudes and beliefs of Eastern European meat consumers—a review. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 854, 012098.
- Verbeke, W., Van Wezemael, L., de Barcellos, M. D., Kugler, J. O., Hocquette, J. F., Ueland, O. & Grunert, K. G. (2010). European beef consumers’ interest in a beef eating-quality guarantee Insights from a qualitative study in four EU countries. *Appetite*, 54, 289–296.
- Ward, C. E., Trent, A. & Hildebrand, J. L. (1995). Consumer perceptions of lamb compared with other meats. *Sheep and goat research journal (USA)*.
- Webb E. C. & Casey N. H. (2010). Physiological limits to growth and the related effects on meat quality. *Livestock Science*, 130, 33–40.
- Webb, E. C., Casey N. H. & Simela L. (2005). Goat meat quality. *Small Ruminant Research*, 60, 153–166.
- Wong, L., Selvanathan, E. A. & Selvanathan, S. (2015). Modelling the meat consumption patterns in Australia. *Economic Modelling*, 49, 1–10.

Paper received: September 28th 2022.

Paper corrected: October 31st 2022.

Paper accepted: November 11th 2022.

**Caractérisation de la viande et
approche protéomique à haut
débit**

Towards the discovery of goat meat quality biomarkers using label-free proteomics

Melisa Lamri, Antonella della Malva, Djamel Djenane, María López-Pedrouso, Daniel Franco, Marzia Albenzio, José M. Lorenzo & Mohammed Gagaoua

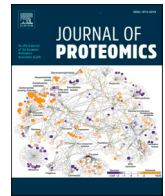
Publié dans *Journal of Proteomics*, 278 (2023) 104868 :

<https://doi.org/10.1016/j.jprot.2023.104868>

Résumé

Cette étude avait pour objectif d'identifier des biomarqueurs protéiques des paramètres de qualité de la viande de chèvre dans le muscle faux-filet (*Longissimus thoracis*, LT). Des caprins males d'âge et de poids similaires, élevés dans des conditions de production extensives, ont été utilisés pour mettre en relation le protéome du muscle LT avec de multiples caractéristiques de qualité de la viande. Le protéome du muscle post-mortem a été analysé par une approche de protéomique quantitative (label-free) puis comparé dans trois groupes de texture de la viande construits à l'aide d'une analyse de classification hiérarchique. Vingt-cinq protéines étaient différemment abondantes et leur exploration par la bioinformatique a révélé l'implication de trois voies biologiques majeures : 10 protéines de structure musculaire (MYL1, MYL4, MYLPF, MYL6B, MYH1, MYH2, ACTA1, ACTBL2, FHL1 et MYOZ1) ; 6 protéines du métabolisme énergétique (ALDOA, PGAM2, ATP5F1A, GAPDH, PGM1 et ATP5IF1), et deux protéines de choc thermique : HSPB1 et HSPA8. Sept autres protéines de fonctions diverses appartenant à des voies telles que la régulation, la protéolyse, l'apoptose, le transport et la liaison, le traitement des ARNt ou la liaison à la calmodulin ont été identifiées comme jouant un rôle dans la variabilité de la qualité de la viande de chèvre. Les protéines différemment abondantes ont été corrélées avec les différents paramètres de qualité en plus des modèles de régression multiples construits pour proposer les premières équations de prédiction de chaque paramètre. Cette étude est la première à mettre en évidence, par une approche de plusieurs paramètres de qualité en même temps, les changements post-mortem précoces dans le protéome du muscle LT de la chèvre. Elle a également mis en évidence les mécanismes qui sous-tendent le développement de plusieurs traits de qualité d'intérêt pour la production de viande caprine et les principales voies d'interaction. Elle a enfin proposé la première fois des biomarqueurs de la qualité de la viande de chèvre.

Mots-clés : Viande de chèvre ; Protéomique ; Biomarqueurs ; Qualité de la viande ; Texture ; Couleur ; Structure musculaire ; Métabolisme énergétique ; Voies métaboliques ; Analyse de Clustering.



Towards the discovery of goat meat quality biomarkers using label-free proteomics

Melisa Lamri^a, Antonella della Malva^b, Djamel Djenane^a, María López-Pedrouso^c, Daniel Franco^d, Marzia Albenzio^b, José M. Lorenzo^{e,f}, Mohammed Gagaoua^{g,*}

^a Department of Food Science, Laboratory of Food Quality and Food Safety, Mouloud Mammeri University, P.O. Box. 17, Tizi-Ouzou 15000, Algeria

^b Department of Agriculture, Food, Natural Resources and Engineering (DAFNE), University of Foggia, Via Napoli, 71121 Foggia, Italy

^c Department of Zoology, Genetics and Physical Anthropology, University of Santiago de Compostela, 15872 Santiago de Compostela, Spain

^d Department of Chemical Engineering, University of Santiago de Compostela, 15782 Santiago de Compostela, Spain

^e Centro Tecnológico de la Carne de Galicia, Rúa Galicia N° 4, Parque Tecnológico de Galicia, 32900 San Cibrao das Vinas, Spain

^f Facultade de Ciencias, Área de Tecnoloxía dos Alimentos, Universidade de Vigo, 32004 Ourense, Spain

^g PEGASE, INRAE, Institut Agro, 35590 Saint-Gilles, France

ARTICLE INFO

Keywords:

Goat meat quality
Label-free proteomics
Protein biomarkers
Biochemical pathways
Muscle system process

ABSTRACT

This study aimed to identify for the first time protein biomarkers of meat quality traits from *Longissimus thoracis* (LT) muscle of goats (*Capra hircus*). Male goats of similar age and weight reared under extensive rearing conditions were used to relate the LT muscle proteome with multiple meat quality traits. The early post-mortem muscle proteome analyzed using label-free proteomics was compared among three texture clusters built using hierarchical clustering analysis. Twenty-five proteins were differentially abundant and their mining using bioinformatics revealed three major biological pathways to be involved: 10 muscle structure proteins (MYL1, MYL4, MYLPF, MYL6B, MYH1, MYH2, ACTA1, ACTBL2, FHL1 and MYOZ1); 6 energy metabolism proteins (ALDOA, PGAM2, ATP5F1A, GAPDH, PGM1 and ATP5IF1), and two heat shock proteins: HSPB1 (small) and HSPA8 (large). Seven other miscellaneous proteins belonging to pathways such as regulation, proteolysis, apoptosis, transport and binding, tRNA processing or calmodulin-binding were further identified to play a role in the variability of goat meat quality. The differentially abundant proteins were correlated with the goat meat quality traits in addition to multivariate regression models built to propose the first regression equations of each quality trait. This study is the first to highlight in a multi-trait quality comparison the early post-mortem changes in the goat LT muscle proteome. It also evidenced the mechanisms underpinning the development of several quality traits of interest in goat meat production along the major biochemical pathways at interplay.

Significance: The discovery of protein biomarkers in the field of meat research is an emerging topic. In the case of goat meat quality, very few studies using proteomics have been conducted with the aim of proposing biomarkers. Therefore, this study is the first to quest for biomarkers of goat meat quality using label-free shotgun proteomics with a focus on multiple quality traits. We identified the molecular signatures underlying goat meat texture variation, which were found to belong to muscle structure and related proteins, energy metabolism and heat shock proteins along with other proteins involved in regulation, proteolysis, apoptosis, transport and binding, tRNA processing or calmodulin-binding. We further evaluated the potential of the candidate biomarkers to explain meat quality using the differentially abundant proteins by means of correlation and regression analyses. The results allowed the explanation of the variation in multiple traits such as pH, color, water-holding capacity, drip and cook losses traits and texture.

1. Introduction

Regarding the current world and climate changes, there is a call for

an increase in the supply of agricultural and farming products and a strengthening of the link between production and consumption sites, particularly in the livestock sector. In fact, increasing the supply of

* Corresponding author.

E-mail address: mohammed.gagaoua@inrae.fr (M. Gagaoua).

<https://doi.org/10.1016/j.jprot.2023.104868>

Received 18 January 2023; Received in revised form 27 February 2023; Accepted 28 February 2023

Available online 5 March 2023

1874-3919/© 2023 Elsevier B.V. All rights reserved.

animal proteins requires a balanced development between the different animal species (monogastric *versus* ruminant) which do not use the same resources [1]. Thus, the production of small ruminants can be considered a good alternative towards an economic and agroecological production, in particular because of their generally traditional mode of production [2–4]. Goat would therefore be the animal best adapted to valorize/use fodder and non-competitive resources to humans of low nutritional value and many other resources such as shrubby type rangelands or agricultural co-products [5,6]. In Algeria, research on goats has been largely neglected, despite the economic importance of this domesticated species for the rural livelihoods of nomads in the south of the country (Sahara) and small farmers in the North and semi-desert regions. Among the native goat breeds that are distributed in the different Algerian areas, *Arbia*, is the most widespread in steppic regions, whereas *Naine de Kabylie* is a local breed of the mountainous Northern regions of Kabylia. Regarding the Sahara, *M'zabite* is mainly found in the northern part and *Mekatia* dominates in the areas between the steppic and Saharian regions [7]. The rearing of these breeds (or populations as they are hugely cross-breed with European breeds such as Saanen and/or Alpine) has many advantages for the local farmers including the ability to tolerate harsh climates, good drought recovery capacity, suitability for poor systems due to small size and grassland capacity.

Among the few research studies conducted in Algeria on goat farming and production, most of them focused on the morpho-biometric characterization and the typology of goat production systems [3,7]. Thus, the research studies on the production, consumption and distribution of goat meat are very limited [8] and seemed necessary to undertake. Accordingly, we aim by this work to support goat farming and production practices through the implementation of innovative characterization strategies in the frame of high-throughput techniques such as Foodomics, for instance by means of proteomics [9,10], to evaluate the goat populations used for meat production purposes. The use in the recent decades of massive omics methods in meat science such as proteomics allowed to unravel the huge complexity of the muscle proteomes (or sub-proteomes) and provided significant details about the changes that occur early post-mortem or over aging times or even among muscle types and comparisons in the expression pattern of proteins in different production conditions [11–13]. Proteomics also allowed a better understanding of the mechanisms behind several meat quality traits and their defects, mainly because the proteome is the main constituent of muscle tissue and it has pivotal roles in the muscle to meat biochemical changes occurring during aging [10,14]. The major structural/metabolic alterations in early post-mortem muscle and during aging were further partly revealed thanks to these sophisticated methods [15–17]. Proteomics was further successfully applied to propose explanatory mechanisms at the origin of the variability of different meat-eating quality traits from many species and also to propose biological markers [13,18,19]. However, to the best of our knowledge, very few studies aimed to investigate goat muscle/meat proteome in relation to its meat quality [20–22].

Taken all together, our major aim is to strengthen our knowledge using proteomics and catch up on the scientific delay accumulated over the years in understanding consumers' needs and relaunch research on goat meat, which according to our assumptions will play an important role in the coming years in achieving the sustainable development goals of producing localities. Indeed, the livestock sector is known to play a dynamic and significant role in the economic development of rural and desert areas. Thus, this study has an overall attempt of in-depth characterization of goat meat produced by entire male Saanen x Naine de Kabylie crossbred goats reared and produced in Kabylia Mountains (North of Algeria). We further aim to identify candidate protein biomarkers explaining the variation of multiple meat quality traits using label-free proteomics, chemometrics and bioinformatics approaches.

2. Materials and methods

2.1. Goats and slaughtering procedure

All the experimental procedures used in this trial were in compliance with the Algerian guidelines for the care and use of animals. Twenty entire male goats of the Saanen x Naine de Kabylie crossbred goats reared under extensive production systems in the Kabylia Mountains of Algeria were used in this study. The animals were of equivalent age at slaughter (240 ± 8 days) and similar weight (25 ± 0.8 kg). The goats were transported one day before to the abattoir and kept overnight without feeds but with free access to water. To avoid season effect, the animals were slaughtered during one month of the same season (Spring). The animals were slaughtered under ethical standards in the same slaughterhouse, in compliance with the Halal slaughter method (based on Islamic legislation). In this type of slaughter, the goats were not stunned. The carcasses were dressed following routine commercial slaughterhouse procedures. After exsanguination, the carcasses were split into two equal halves along the vertebrate column.

2.2. Longissimus thoracis muscle and meat sampling

Longissimus thoracis (LT) muscle samples, known as an oxidoglycolytic muscle, were collected from the 6th to 9th thoracic vertebrae and immediately transported in an insulated box filled with ice. After delivery of the samples, the meat chops were trimmed of external connective tissue (epimysium) and visible fat and then fabricated into required pieces and placed in different labeled plastic bags, vacuum packaged and kept at 4 °C for 48 h. The samples of LT tissue were analyzed during the post-mortem period at three different time points depending on the quality trait: 30 min, 6 h and 24 h post-mortem for pH measurements; 6 h, 24 h and 48 h post-mortem for myofibril fragmentation index (MFI), 24 h and 48 h post-mortem for water-holding capacity (WHC), drip loss and cook loss determinations, and 24 h for color evaluation. For proteomic analysis, muscle samples (10 g) were removed before the measurement of pH 30 min, chopped into small pieces using sterile scalpels, and stored at -80 °C until the extraction of muscle proteins.

2.3. Meat quality evaluation

2.3.1. pH

Muscle pH was recorded at 30 min (pH 30 min), 6 h (pH_{6h}) and 24 h (pH_{24h}) post-mortem. The pH 30 min was evaluated directly on the carcass before sampling using a calibrated meat pH meter probe. For pH_{6h} and pH_{24h}, approximately 1 g of tissue muscle from each animal was used in triplicate and mixed with a fresh and cold solution containing 5 mM sodium iodoacetic acid and 150 mM KCl (pH 7.0) at a 1:9 ration (w/v) [23,24]. Samples were homogenized for two 15 s bursts, with a 5 s interval, using a Polytron homogenizer (model PT2100, Kinematica AG, Littan/Luzern, Switzerland). For pH measurements, an insertion electrode (PHS-3CW microprocessor pH /mV meter, BANTE instrument) was used to record the pH of the tissue homogenates. A two-point calibration was performed with calibration buffers of pH 7.00 and 4.00 at 20 °C.

2.3.2. Color

Color was determined following the AMSA protocol [25]. Briefly, 24 h LT muscle samples were exposed to air for 45 min at 2–4 °C to bloom. Then, the instrumental lean color traits were measured using a Minolta colorimeter CR-400 (Konica Minolta, Japan), using illuminant D65, a 10° standard observer and an 8 mm diameter aperture. Lightness (L^*), redness (a^*), and yellowness (b^*) coordinates values on the bloomed meat surface were determined by averaging values of five readings from five randomly selected areas per steak.

2.3.3. Water holding capacity and drip loss

Water-holding capacity (WHC) was measured at 24 h and 48 h according to the filter paper method of Grau and Hamm [26] with modifications concerning the areas determination using an imaging software. Briefly, a sample of 300 ± 5 mg of meat from the LT muscle was weighed (G) and deposited in the center of a previously desiccated and weighed (P) filter paper Whatman #1 disk (Whatman Laboratory Division, Maidstone, England). Then, the sample on the paper was placed between two plates of Plexiglass and pressed with a constant pressure of fabricated weight of 2.25 kg for 5 min. After that, the areas of meat spot (M) and released juice (T) were drawn on clear plastic and the damp paper filter was weighed (D) after removing the compressed meat sample. WHC was calculated as $M \times 100 / T$ of the areas.

The percentage of drip loss (DL) was calculated as $(D - P) \times 100 / G$. Traditionally, the stain areas of meat spot (M) and released juice (T) were measured using a Planimeter [26], but the method is not very precise, instrument-dependent and very old. As an alternative, we used a simple previously validated method based on image analysis [27]. Hence, the stain areas drawn in clear plastic were scanned and quantified using the open source ImageJ 1.48 software. The freehand selection option was used for the quantification of the different areas. From each muscle, five samples were analyzed and a mean of these replicates was used.

2.3.4. Cooking loss

The cooking loss was evaluated following the procedure described previously [28]. Briefly, each weighed meat cube (30 ± 2 g) was packed in a polyethylene bag, and then placed in a temperature-controlled water bath set at 80°C for 45 min. The cooked samples were then cooled at room temperature for 30 min, and then weighed again to calculate the percentage of weight loss, which is the difference in weight between the cooked and raw samples. The analyses were performed in triplicate.

2.3.5. Myofibrillar fragmentation index (MFI)

Myofibril fragmentation index (MFI) was performed in triplicate using the method given by Culler et al. [29] and modified by Hopkins et al. [30]. Briefly, 1 g of each muscle sample was homogenized using a Polytron homogenizer (model PT2100, Kinematica AG, Littan/Luzern, Switzerland), for 30 s in 10 mL of rigor buffer (pH 7.0) containing 75 mM KCl, 10 mM KH_2PO_4 , 2 mM MgCl_2 , 2 mM EGTA, and 1 mM NaN_3 . After centrifugation at 1000 $\times g$ for 15 min and at 4°C , the supernatant was discarded. The pellet was re-suspended in 10 mL of the rigor buffer, with stirring, centrifuged again, and the supernatant was discarded. The sediment was re-suspended in 10 mL rigor buffer and filtered through a filter paper to remove connective tissue and fat. An additional 10 mL of the rigor buffer was used to facilitate the passage of myofibrils through the filter paper. The filtrate has been kept in adequate tubes at -20°C . The protein concentration of the protein extract (suspension) was determined using the Bradford protocol [31]. Then, the suspension was diluted with the same buffer to 0.5 ± 0.05 mg/mL protein concentration. Finally, the MFI was determined as the value of the absorbance of the myofibrillar suspension measured at 540 nm using an UV spectrophotometer (UV2550, Shimadzu, Japan) and expressed as the absorbance of a myofibrillar protein solution multiplied by 200.

2.4. Proteomics profiling and characterization of goat Longissimus thoracis muscle using shotgun proteomics

2.4.1. Muscle protein extraction and quantification

The goat muscle biopsies taken 30 min post-mortem and stored at -80°C were used to extract the total proteins (i.e., both sarcoplasmic and myofibrillar proteins) following the protocol of Bouley et al. [32] with slight modifications [16]. Briefly, 150 mg of the samples from each individual were mixed with 3 mL of fresh buffer containing 2 M thiourea, 1.2% DL-dithiothreitol, 8 M urea, 1% Pharmalyte 3–10 (GE

Healthcare, Uppsala, Sweden) and 2% CHAPS. The samples and protein homogenates were handled during the entire extraction process in wet-ice and incubated at 4°C for 15 min before homogenization using a Polytron homogenizer (model PT2100, Kinematica AG, Littan/Luzern, Switzerland) at 20,000 rpm for 45 s. Afterwards, the homogenates were kept once again in wet-ice and shaken for 25 min before centrifugation at 10,000 $\times g$ at 4°C during 25 min to remove insoluble proteins, connective tissue, fat and other debris. The supernatant was then collected in Eppendorf tubes and stored at -80°C for further analyses in terms of protein quantification, SDS-PAGE analyses and proteome characterization.

The quantification of the total proteins, in triplicate, was performed using the Biorad protein assay kit (Bio-Rad Laboratories, Hercules, CA, USA) based on the Bradford method. Serum albumin from bovine (BSA) was used as a standard at a concentration of 1 mg/mL.

2.4.2. Protein bands preparation for shotgun proteomics using 1D SDS-PAGE electrophoresis

To gather all the proteins in one tiny band before shotgun proteomics [33], the muscle protein extracts were first denatured by mixing them at 1.0:1.0 (v/v) with a standard Laemmli sample buffer 2 \times concentrate (#S3401, Sigma-Aldrich, Saint Louis, USA) that contains 125 mM Tris (pH 6.8), 20% v/v glycerol, 4% w/v SDS, 10% v/v β -mercaptoethanol and 0.004% bromophenol blue. Then, the samples were vortexed and incubated at room temperature for 5 min before heating at 90°C for 10 min using a standard block heater (VWR, International). The denatured proteins (40 μg , final volume of 20 μL) were subsequently loaded in standard 12% resolving and 4% stacking gels of sodium dodecyl sulphate polyacrylamide gel electrophoresis (one-dimensional SDS-PAGE) using a Mini-PROTEAN Tetra Cell system (Bio-Rad Laboratories, Hercules, CA, USA) at 4 watts during 15 min to concentrate the proteins in the stacking gel. A TGS running buffer (#T7777, Sigma-Aldrich, Saint Louis, USA), containing 25 mM Tris (pH 8.6), 0.1% SDS and 192 mM glycine was used. Afterwards, the gels were washed several times with Milli-Q water, stained with EZ Blue Gel staining reagent (Sigma-Aldrich, Saint Louis, USA) for around 10 min and subjected to several other washes with Milli-Q water under gentle shaking. The protein bands from each animal were excised from the washed gels using sterile and disposable scalpels, and immediately placed into sterile Eppendorf tubes to be reduced, alkylated, destained and dried, before LC-MS/MS analyses [16].

2.4.3. LC-MS/MS analysis, protein identification and preparation of the proteome database

Before the liquid chromatography-tandem mass spectrometry (LC-MS/MS) analyses, the dried protein bands stored at -20°C were first digested by a sequence grade Trypsin (Promega, USA) following the conditions described in Zhu et al. [33]. The samples were analyzed by means of a Dionex UltiMate 3000 system (nanoelectrospray ion source) coupled to a Q ExactiveTM HF-X hybrid Quadrupole-Orbitrap mass spectrometer (Thermo Fisher Scientific). A C18 column was used to desalt the peptide fractions before LC-MS/MS analysis according to the manufacturer's instructions. The peptides were loaded with C18 Pep-Map trap column (Thermo Fisher Scientific) and washed with pure water (98%), acetonitrile (ACN, 2%), and formic acid (0.01%) with a flow rate of 10 $\mu\text{L}/\text{min}$. After 6 min, the trap column underwent reversed-phase high-performance liquid chromatography (RP-HPLC) using an EASY nLC self-filling column (Thermo Fisher Scientific, Germany). Mobile phase A of the reversed-phase HPLC consisted of 0.1% formic acid in pure water, and mobile phase B consisted of 95% ACN acetonitrile with 0.1% formic acid. The peptides were separated using a 40-min gradient method at a flow rate of 300 nL/min. The peak identification of the peptides and raw files of LC-MS/MS were screened and aligned against *Capra hircus* (goat) database (UP000291000, 32,609 sequences). The digestive enzyme was set to trypsin to search for the mass spectrometry data in the retrieval database. The maximum missing cleavage sites were

set to 2, and the tolerances of precursor and fragment ions were 5 ppm and 0.02 Da, respectively. The aminomethylation of cysteine was a fixed modification, and acetylation of the protein N-terminal and lysine and methionine oxidation were variable modifications. The database search results were screened and exported when the false discovery rate (FDR) of the peptide spectrum and protein match level was <1%.

2.5. Statistical analyses

For the statistical analysis, XLSTAT 2018.1.1 (AddinSoft, Paris, France) software was used. The texture meat quality traits based on the myofibrillar fragmentation index (MFI) were first considered by means of an unsupervised learning method to create from the 20 goats three meat texture clusters of low (Low-Q), medium (Medium-Q) and high-quality (High-Q) using a hierarchical clustering analysis (HCA). The Euclidean distances were used based on standardized data (z-scores). The hierarchical approach is of interest because it allows a naturally cluster formation with valuable use in meat research [34].

Afterwards, a one-way ANOVA was used to compare the evaluated quality traits among the three meat texture clusters. Animals were considered as a random effect. The same model was further used to compare the whole proteome data based on the Log2 relative abundances of the proteins. Differences in protein abundance among the meat texture quality groups were considered significant at $P < 0.05$, and differentially abundant proteins (DAPs) were considered as candidate protein biomarkers and used as a subset for further analyses.

Principal component analysis (PCA), as a common multivariate data analysis technique for dimension reduction, was used to study the distribution of the individuals and the extent of the separation of the MFI meat texture quality clusters using the meat quality traits evaluated in this study. The scree plot of the PCA based on eigenvalues and the squared cosines of the variables were calculated. Further, to examine the suitability of the data for the PCA model, the Kaiser-Meyer-Olkin (KMO) measure of sampling adequacy of each variable and the overall KMO (Bartlett's test of sphericity) were computed. In addition, a linear discriminant analysis (LDA), a classical feature extraction algorithm, was applied to separate the three texture groups using the relative abundances of the identified DAPs proteins.

Pearson correlations and multivariate regression analyses were further performed using the DAPs proteins. The correlations between the 15 meat quality traits investigated in this study at different post-mortem times (texture parameters evaluated by MFI, pH, color and WHC, drip and cook losses traits) with the DAPs proteins were tested using Pearson correlation coefficients. The correlations were considered significant at $P < 0.05$. On the other hand, step-wise regressions were undertaken to explain/predict each of the 15 quality traits (as dependent variables, y) with the DAPs proteins (as independent variables, x). The regression model allowed the entrance of no more than two proteins as explanatory variables to satisfy the parsimony principle [24]. This approach allowed us identifying the most relevant candidate protein biomarkers for each trait. The proteins with large regression coefficient values (whatever the direction (sign)) were considered as good predictive/explanatory candidates. Variance inflation factor (VIF), a criteria selection method that maximizes the correlation between independent variables and response variables and minimizes the collinearity between the selected protein biomarkers was set at <10 for each model. This allowed us to avoid any multi-collinearity in the validated regression equations.

2.6. Bioinformatics analyses

Bioinformatics analyses were conducted on the DAPs proteins to assess the main molecular functions, the enriched Gene Ontology (GO) terms and to build the protein-protein interactions (PPI) networks. For this purpose, the goat accession numbers of the proteins were first converted into human gene entries by means of the Uniprot Retrieve/ID mapping tool (<https://www.uniprot.org/id-mapping>) to take advantage

of the most updated information and knowledge concerning the proteins being aware of the weakness of the *Capra hircus* (goat) database. The PPI network between the DAPs proteins was constructed using the open source STRING 11.0 platform (<https://string-db.org/>). We used the default settings of confidence of 0.4 and 7 criteria for linkage: text mining, co-occurrence, co-expression, experimental evidence, neighborhood, existing databases and gene fusion. Subsequently, the other bioinformatics analyses were performed following well-described procedures [15] using the Metascape® online platform (<https://metascape.org/>). The process enrichment analysis allowed to create an ontology network based on the most significant and enriched GO terms considering Gene Ontology (GO) Biological Processes, Reactome gene sets, WikiPathways and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) on the DAPs proteins as one dataset. Benjamini-Hochberg p -value correction algorithm was used to statistically validate the top significant enriched ontology terms (parameters fixed to P -value <0.05, a minimum count number of 3 proteins, and an enrichment factor > 1.5 (ratio between the observed counts and the counts expected by chance). In addition, the densely connected regions (MCODE) known also as molecular complexes were detected from the GO network generated by Metascape®.

3. Results and discussion

The decision of consumers to purchase meat, including goat meat, is guided by myriad interacting factors including freshness and safety, nutritional profile, sustainability pillars (*i.e.*, environmental, economic, and social) along with a variety of organoleptic characteristics such as color, succulence, tenderness, juiciness and flavor [35]. Thus, meat quality is a complex dimension influenced by both intrinsic and extrinsic interacting factors with key influences coming from on-farm management and post-mortem processing. For goat meat quality, the aforementioned factors are also key determinants [36], but very few studies are available in the literature for this species with a significant scarcity of those conducted at the molecular level to decipher the biological pathways at interplay. The increase of our knowledge and evaluation of such important factors along the biochemical mechanisms is then of paramount importance in the case of goat, because of the lower tenderness of its meat compared to lamb, pork, and beef [35,37]. Therefore, this work intends to broaden our knowledge on the underlying mechanisms of meat quality (on multiple traits) of male goats raised in an extensive production system, using shotgun proteomics that has recently gained popularity as the performance of mass spectrometers has significantly improved [9].

3.1. Meat quality and characteristics of the texture quality clusters

The descriptive statistics of the meat quality traits evaluated in this trial are depicted in Table 1. In line with the general assumptions on goat meat texture [36,38], the findings revealed greater and substantial variation in the MFI values (CV ranging from 25 to 31%) compared to the other quality attributes (CV <3% for pH, <6.5% for color parameters, and from 5 to 14% for water-holding capacity, drip and cook losses traits). MFI is one of the most commonly used indicators to evaluate the extent of proteolysis (myofibrillar protein degradation) in post-mortem meat [30]. Based on the higher variation observed for MFI, the values at 6, 24 and 48 h post-mortem were then used together to build texture quality clusters by means of hierarchical clustering analyses (Fig. 1). Three texture quality clusters, these being High-Q ($n = 6$), Medium-Q ($n = 7$) and Low-Q ($n = 7$), were created by this unsupervised learning method (Fig. 1A). The clustering approach allowed to clearly distinguish the goat meat quality groups (Fig. 1B,C), which were also significantly different in terms of pH whatever the post-mortem time ($P < 0.05$), lightness 24 h ($P < 0.001$), WHC ($P < 0.01$) and drip loss ($P < 0.001$) at both 24 and 48 h, and cook loss ($P < 0.001$) at 48 h only (Table 2). Overall, the High-Q cluster characterized by the highest MFI values

Table 1
Descriptive statistics of the main meat quality traits evaluated on the 20 entire male Saanen x Naine de Kabylie crossbred goats.

| Variables | Minimum | Maximum | Mean | Coefficient of variation (%) |
|--|---------|---------|-------|------------------------------|
| <i>Texture evaluated by Myofibrillar Fragmentation Index</i> | | | | |
| MFI 6 h | 23.56 | 61.87 | 39.99 | 24.7 |
| MFI 24 h | 29.33 | 73.32 | 45.92 | 30.9 |
| MFI 48 h | 30.45 | 80.89 | 50.43 | 29.3 |
| <i>pH traits</i> | | | | |
| pH 30 min | 6.58 | 6.90 | 6.78 | 1.2 |
| pH 6 h | 6.05 | 6.65 | 6.39 | 2.3 |
| pH 24 h | 5.58 | 6.11 | 5.78 | 2.8 |
| <i>Color traits</i> | | | | |
| L* 24 h | 32.15 | 37.43 | 34.90 | 4.8 |
| a* 24 h | 10.11 | 12.32 | 11.28 | 5.1 |
| b* 24 h | 7.98 | 10.34 | 9.26 | 6.2 |
| <i>Water retention/loss: Water-holding capacity, drip and cook losses traits</i> | | | | |
| WHC 24 h | 26.00 | 39.40 | 31.12 | 11.5 |
| WHC 48 h | 26.15 | 38.78 | 29.73 | 13.7 |
| Drip loss (%) 24 h | 2.01 | 8.26 | 4.51 | 9.5 |
| Drip loss (%) 48 h | 2.15 | 8.86 | 4.74 | 10.5 |
| Cook loss (%) 24 h | 21.34 | 25.13 | 23.58 | 4.8 |
| Cook loss (%) 48 h | 21.77 | 28.00 | 25.00 | 7.8 |

MFI: Myofibrillar fragmentation index; L*: lightness; a*: redness; b*: yellowness; WHC: Water-holding capacity.

(producing meat with better tenderness), had lower pH, lighter meat and high water retention (Fig. 2 and Table 2). MFI was found to increase significantly ($P < 0.01$) within the high-Q cluster by increasing post-mortem time compared to Low-Q cluster ($P > 0.05$), which has a

numerically very slow trend. Further, the principal component analysis (Fig. 2A,B) using the whole variables evaluated in this trial highlighted a clear separation of the goat meat texture clusters (Fig. 2B). The first two principal components explained 66% of variation (Fig. 2C), with a

Table 2
Analysis of variance comparing the quality traits parameters among the three texture quality clusters identified based on myofibrillar fragmentation index.

| Variables | Low-Q (n = 7) ¹ | Medium-Q (n = 7) | High-Q (n = 6) | SEM | P-value ² |
|--|----------------------------|----------------------|--------------------|------|----------------------|
| <i>Texture evaluated by Myofibrillar Fragmentation Index</i> | | | | | |
| MFI 6 h | 30.10 ^c | 39.48 ^b | 52.12 ^a | 2.27 | *** |
| MFI 24 h | 31.35 ^c | 44.96 ^b | 64.05 ^a | 3.25 | *** |
| MFI 48 h | 34.62 ^c | 49.86 ^b | 69.53 ^a | 3.39 | *** |
| <i>pH traits</i> | | | | | |
| pH 30 min | 6.81 ^a | 6.80 ^a | 6.70 ^b | 0.02 | * |
| pH 6 h | 6.48 ^a | 6.41 ^{a,b} | 6.27 ^b | 0.04 | * |
| pH 24 h | 5.83 ^a | 5.85 ^a | 5.65 ^b | 0.04 | * |
| <i>Color traits</i> | | | | | |
| L* 24 h | 33.37 ^c | 34.80 ^b | 36.81 ^a | 0.39 | *** |
| a* 24 h | 11.43 | 11.48 | 10.87 | 0.13 | ns |
| b* 24 h | 9.32 | 9.33 | 9.11 | 0.13 | ns |
| <i>Water retention/loss: Water-holding capacity, drip and cook losses traits</i> | | | | | |
| WHC 24 h | 27.91 ^b | 31.29 ^{a,b} | 34.68 ^a | 0.82 | ** |
| WHC 48 h | 27.54 ^b | 27.54 ^b | 34.84 ^a | 0.93 | *** |
| Drip loss (%) 24 h | 7.75 ^a | 3.30 ^b | 2.15 ^c | 0.76 | *** |
| Drip loss (%) 48 h | 8.21 ^a | 3.40 ^b | 2.25 ^c | 0.87 | *** |
| Cook loss (%) 24 h | 24.12 | 23.58 | 22.94 | 0.26 | ns |
| Cook loss (%) 48 h | 26.99 ^a | 24.70 ^b | 23.04 ^b | 0.45 | *** |

Abbreviations: MFI: Myofibrillar fragmentation index; L*: lightness; a*: redness; b*: yellowness; WHC: Water-holding capacity; SEM: standard error of mean.

¹ Least square means in the same row not followed by a common letter (a-c) differ significantly: $P < 0.05$.

² Significances: ns: not significant; * $p < 0.05$; ** $p < 0.01$; *** $p < 0.001$.

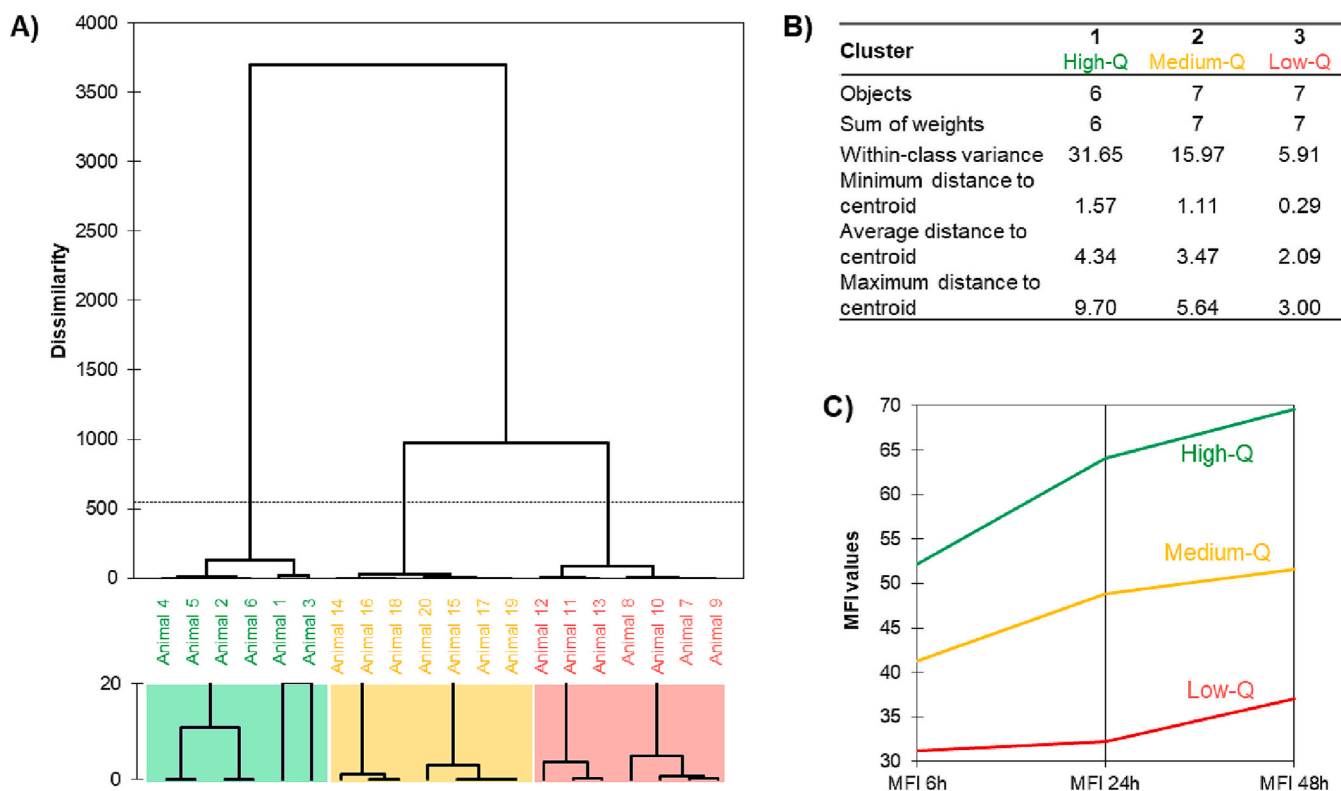


Fig. 1. Hierarchical clustering analyses based on the texture traits evaluated by myofibrillar fragmentation index (MFI) at 6, 24 and 48 h post-mortem (Table 1). **A)** Dendrogram allowing the separation of three clusters (optimal classification) of goat meat texture categorizing the 20 male goats into three quality categories: High quality (High-Q), Medium quality (Medium-Q) and Low quality (Low-Q). **B)** Results by cluster detailing the main parameters of the clustering analysis. **C)** Comparison of the MFI values at different post-mortem times (6, 24 and 48 h post-mortem) among the three texture quality categories.

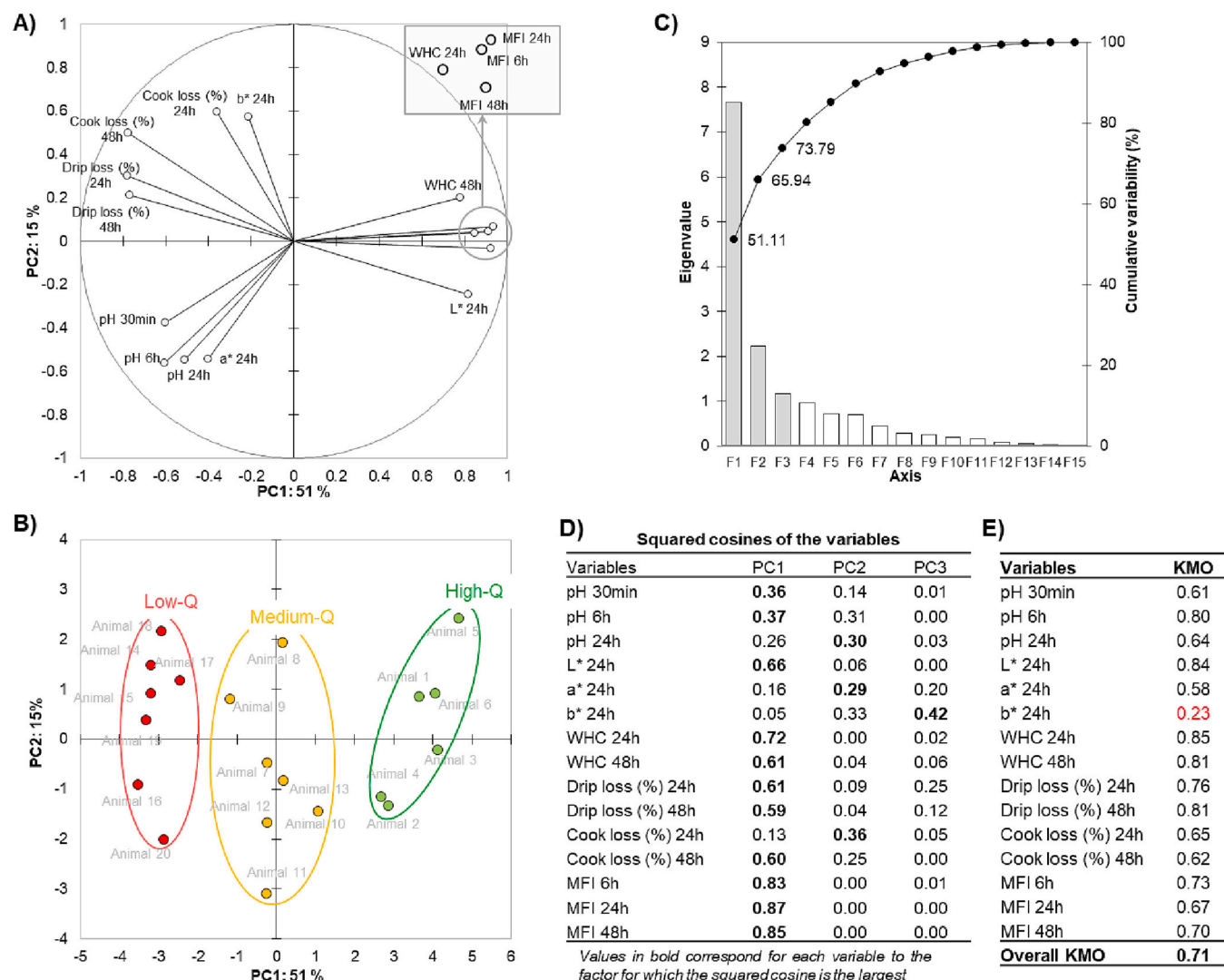


Fig. 2. Principal component analysis (PCA) of the meat quality traits and texture clusters characterization. **A)** First two principal components highlighting the loadings of the 15 quality traits evaluated in this study on the 20 entire male goat. **B)** Bi-plot of the PCA allowing seeing the separation among the three quality traits (Low-Q, Medium-Q and High-Q). **C)** Scree plot of the PCA showing that three principal components have eigenvalues of >1.0 . **D)** Squared cosines of the variables highlighting the input of each of them in the three principal components. **E)** Kaiser-Meyer-Olkin (KMO) measure of sampling adequacy of each variable in the PCA and the overall KMO of the PCA (Bartlett's test of sphericity was significant, $P < 0.001$). Only the variable b^* (yellowness) evaluated at 24 h post-mortem is not eligible ($KMO < 0.5$) to consider in the analysis.

significant amount in the first principal component (51%). The pH variables were all grouped together with redness (a^*) in the bottom left of the PCA. The variables MFI, WHC and lightness (L^*) were projected together on the right side of the first principal component with the High-Q meat samples, while drip and cook losses and yellowness (b^*), were projected on the left side with the Low-Q meat samples. Among these parameters, pH is an important factor that can better reflect the quality of meat and directly affect several traits likely color, water retention/loss and cooking loss of muscle, thus affecting the final texture of meat. In this study, the mean values of ultimate pH and irrespective of the quality cluster were in the acceptable range of 5.5–5.8 for goat meat [39–41], but with lower and favorable values of better quality in the High-Q cluster.

Based on the color and pH results, the meat samples of High-Q cluster can be valued as pale red, a desirable quality searched by consumers [8]. The greater L^* values can be ascribed to higher retention of water (high WHC and low drip loss), in agreement to what has been reported in earlier studies [40,42]. Higher L^* values is known to be caused by scattering of light within the muscle structure as well as the present fluid

on the surface of the meat matrix [43]. Consistent to this, it is worthy to note that L^* is in this database correlated irrespective of sampling time positively with WHC and MFI and negatively with drip loss (Table 3). From the meat texture point of view, the degradation of proteins is known to be related to the extent and rate of pH decline [16,44]. Indeed, fast pH decline was thought as a favorable condition for enhanced proteolysis and degradation of myofibrillar muscle proteins [45]. The extent of the structural proteins denaturation and degradation during the post-mortem process would affect the protein density along the sarcomere, hence influencing myofilament lattice spacing and muscle fiber shrinkage, which impacts also light scattering [43]. Higher pH in the goat carcasses of Low-Q cluster early post-mortem or during aging may reduce the activity of μ -calpain activity, thereby decreasing the rate and extent of the tenderization process [44]. Another contributing factor may include a higher activity of calpastatin inhibitor in goat muscles (especially in the Low-Q cluster) compared, for instance, to lamb [46]. Thus, the significantly higher MFI values at 6, 24 and 48 h post-mortem times ($P < 0.001$) observed in the High-Q cluster could be due to faster pH decline during the post-mortem period. The increased protein

Table 3
Correlation matrix (Pearson) between the 15 meat quality traits evaluated on the 20 entire male Saanen x Naine de Kabylie crossbred goats.

| Variables | pH | | | Color | | | Water holding capacity | | Drip loss | | Cook loss | | Myofibrillar fragmentation index | | |
|---------------------------------|--------------|--------------|--------------|---------------|---------|---------|------------------------|---------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|----------------------------------|---------------|----------|
| | pH 30 min | pH 6 h | pH 24 h | L* 24 h | a* 24 h | b* 24 h | WHC 24 h | WHC 48 h | Drip loss (%) 24 h | Drip loss (%) 48 h | Cook loss (%) 24 h | Cook loss (%) 48 h | MFI 6 h | MFI 24 h | MFI 48 h |
| Correlation coefficients | | | | | | | | | | | | | | | |
| pH 30 min | | | | | | | | | | | | | | | |
| pH 6 h | 0.66 | | | | | | | | | | | | | | |
| pH 24 h | 0.54 | 0.48 | | | | | | | | | | | | | |
| L* 24 h | -0.32 | -0.31 | -0.20 | | | | | | | | | | | | |
| a* 24 h | 0.33 | 0.45 | 0.45 | -0.18 | | | | | | | | | | | |
| b* 24 h | 0.03 | -0.10 | -0.24 | -0.24 | -0.03 | | | | | | | | | | |
| WHC 24 h | -0.44 | -0.52 | -0.45 | 0.60 | -0.38 | -0.32 | | | | | | | | | |
| WHC 48 h | -0.45 | -0.51 | -0.44 | 0.60 | -0.42 | -0.21 | 0.77 | | | | | | | | |
| Drip loss (%) 24 h | 0.43 | 0.46 | 0.33 | -0.75 | 0.21 | 0.08 | -0.71 | -0.52 | | | | | | | |
| Drip loss (%) 48 h | 0.44 | 0.46 | 0.35 | -0.73 | 0.27 | 0.11 | -0.72 | -0.52 | 0.99 | | | | | | |
| Cook loss (%) 24 h | 0.21 | -0.04 | -0.02 | -0.40 | -0.03 | 0.44 | -0.23 | -0.06 | 0.38 | 0.37 | | | | | |
| Cook loss (%) 48 h | 0.25 | 0.16 | 0.20 | -0.68 | 0.12 | 0.40 | -0.59 | -0.49 | 0.81 | 0.80 | 0.56 | | | | |
| MFI 6 h | -0.48 | -0.58 | -0.34 | 0.81 | -0.27 | -0.09 | 0.72 | 0.79 | -0.82 | -0.80 | -0.15 | -0.64 | | | |
| MFI 24 h | -0.51 | -0.59 | -0.41 | 0.85 | -0.43 | -0.15 | 0.75 | 0.73 | -0.83 | -0.82 | -0.26 | -0.62 | 0.94 | | |
| MFI 48 h | -0.51 | -0.48 | -0.40 | 0.80 | -0.43 | -0.11 | 0.70 | 0.65 | -0.87 | -0.85 | -0.39 | -0.75 | 0.85 | 0.93 | |
| P-values | | | | | | | | | | | | | | | |
| pH 30 min | | | | | | | | | | | | | | | |
| pH 6 h | 0.002 | | | | | | | | | | | | | | |
| pH 24 h | 0.014 | 0.031 | | | | | | | | | | | | | |
| L* 24 h | 0.170 | 0.186 | 0.386 | | | | | | | | | | | | |
| a* 24 h | 0.158 | 0.047 | 0.049 | 0.440 | | | | | | | | | | | |
| b* 24 h | 0.895 | 0.676 | 0.305 | 0.313 | 0.891 | | | | | | | | | | |
| WHC 24 h | 0.049 | 0.018 | 0.047 | 0.005 | 0.094 | 0.170 | | | | | | | | | |
| WHC 48 h | 0.047 | 0.021 | 0.055 | 0.005 | 0.062 | 0.381 | < 0.0001 | | | | | | | | |
| Drip loss (%) 24 h | 0.058 | 0.043 | 0.161 | 0.000 | 0.367 | 0.732 | 0.000 | 0.018 | | | | | | | |
| Drip loss (%) 48 h | 0.055 | 0.042 | 0.134 | 0.000 | 0.243 | 0.633 | 0.000 | 0.019 | < 0.0001 | | | | | | |
| Cook loss (%) 24 h | 0.381 | 0.855 | 0.945 | 0.081 | 0.900 | 0.054 | 0.338 | 0.788 | 0.100 | 0.105 | | | | | |
| Cook loss (%) 48 h | 0.292 | 0.492 | 0.410 | 0.001 | 0.608 | 0.082 | 0.006 | 0.030 | 0.0001 | 0.0001 | 0.010 | | | | |
| MFI 6 h | 0.031 | 0.007 | 0.138 | 0.0001 | 0.241 | 0.705 | 0.000 | 0.0001 | 0.0001 | 0.0001 | 0.528 | 0.002 | | | |
| MFI 24 h | 0.020 | 0.006 | 0.076 | 0.0001 | 0.061 | 0.537 | 0.000 | 0.000 | 0.0001 | 0.0001 | 0.268 | 0.004 | 0.0001 | | |
| MFI 48 h | 0.021 | 0.033 | 0.078 | 0.0001 | 0.061 | 0.646 | 0.001 | 0.002 | 0.0001 | 0.0001 | 0.092 | 0.000 | 0.0001 | 0.0001 | |

The correlation coefficients in bold are significant at the level of alpha = 0.05. The corresponding p-values to each coefficient of correlation are given in the bottom part of the table.

degradation at lower pH might further lead to increased light scattering properties of meat [43], consequently increasing L* values observed for the High-Q texture samples. The equivalent redness/vividness of the goat meat samples among the quality texture clusters could be explained by the type of production system used in this study that is extensive feeding [47]. Nevertheless, further investigations are worthy to conduct for a better understanding of such stability in a* and b* values observed in the goat carcasses of this trial.

In the current work, greater MFI values in the High-Q cluster can be further ascribed to changes in the myofilament spacing. In fact, lower pH impacts the physical state of proteins that will be below their isoelectric point, thereby reducing the association with muscle water and consequently impacting positively the tightness (decreased compactness) of the muscle fibres [48]. In agreement with earlier studies [49], the higher WHC in the High-Q cluster was further found to be characterized by lower drip and cooking losses. The increase of drip loss in the Low-Q cluster might be partly related to the reduction of unit cell volume, thereby increasing the elastic pressure within the sarcomeres and the

denaturation of proteins induced by pH decline, elevated pre-rigor temperature and cellular stress [50]. Accordingly, we could assume that the goats of the High-Q cluster experienced reduced cellular stress in muscle, thereby keeping more water in their muscle compared to their counterparts in the Low-Q cluster. It is worthy to note that earlier studies suggested that post-mortem proteolytic degradation of myofibrillar proteins is able to improve WHC [51,52].

The cook loss of meat has been suggested to depend on the ultimate pH of the carcasses [53]. In this study and within the three clusters, cooking loss values were different at 48 h post-mortem only and ranged from 23.04% (High-Q) to 26.99% (Low-Q). Overall, these values are in the range of those reported in earlier studies for goat meat [36,39,47]. The high ultimate pH in the Low-Q texture cluster (4 animals from 7 had pH ≥ 5.9) might be partly related to potential animal stress at slaughter, hence explaining the lower WHC values and the high drip and cook losses (Table 2). It is known in the literature that goats, especially young males as in this study, are highly prone to stress [36]. Finally, the sudden variation in pH decline was postulated to reflect variation in the post-

mortem muscle metabolism among animals [24,54]. Early post-mortem metabolism seemed to be of a pivotal role in goat meat quality determination. Further details about this aspect and interrelated pathways are comprehensively discussed thanks to the proteomics results presented in the following sections.

3.2. Differentially abundant proteins discriminating goat meat texture clusters and related proteomics signatures

From the goat muscle proteomics database built in this trial ($n = 835$ quantified proteins), 25 DAPs ($P < 0.05$, FDR 1%, minimum of 2 peptides per protein) were identified to differ among the three goat meat texture clusters (Table 4). The proteins were manually annotated and grouped into three main biological pathways plus a group of miscellaneous proteins (Table 4). The first pathway “muscle structure and related proteins” contained 10 putative protein biomarkers: Myosin light chain 1/3 (MYL1), Myosin light chain 4 (MYL4), Myosin regulatory light chain 2 (MYL6B), Myosin light chain 6B (MYL6B), Myosin-1 (MYH1), Myosin-2 (MYH2), Actin, alpha skeletal muscle (ACTA1), Beta-actin-like protein 2 (ACTBL2), Four and a half LIM domains protein 1 (FHL1) and Myozenin-1 (MYOZ1). The second “energy metabolism” pathway with both glycolytic and oxidative sub-pathways included 6 putative biomarkers: Fructose-bisphosphate aldolase A (ALDOA), Phosphoglycerate mutase 2 (PGAM2), Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH), Phosphoglucosmutase-1 (PGM1), ATP synthase subunit alpha, mitochondrial (ATP5F1A) and ATPase inhibitor, mitochondrial (ATP5IF1). The third “response to cellular stress” pathway grouped two heat shock proteins: small Heat shock protein beta-1 (HSPB1) and large Heat shock cognate 71 kDa protein (HSPA8). Finally, 7 other “miscellaneous” proteins with multiple functions belonging to pathways such as regulation, proteolysis, apoptosis, transport and binding, tRNA processing or calmodulin-binding were further identified to play a role in the variability of goat meat quality

characteristics. This fourth category grouped Elongation factor 2 (EEF2), Serpin family A member 1 (SERPINA1), Ewing’s tumor-associated antigen 1 homolog (ETAA1), Leucine carboxyl methyltransferase 2 (LCMT2), Histone H2A type 1-H (H2AC12), Caveolae-associated protein 4 (CAVIN4) and Tripartite motif containing 72 (TRIM72).

The linear discriminant analysis (LDA), a powerful statistical chemometrics methodology, was further used to confirm the robustness of the 25 DAPs to separate the three texture quality clusters (Fig. 3). The putative protein biomarkers were used for LDA as the variables and the three goat meat texture clusters (High-Q, Medium-Q and Low-Q) were considered as classes. A high prediction accuracy was achieved within the x-axis (Fig. 3). In line with the data of Table 4, the High-Q cluster had higher abundances of 9 proteins: MYL1, MYL6B, MYH1, FHL1, PGM1, ATP5F1A, HSPB1, EEF2 and SERPINA1. The Low-Q cluster had higher abundances of 10 proteins: MYL4, MYH2, ACTA1, ACTBL2, GAPDH, PGAM2, HSPA8, ETAA1, TRIM72 and LCMT2. Finally, the intermediate Medium-Q cluster had higher abundances of 6 proteins: MYL6B, MYOZ1, ATP5IF1, ALDOA, CAVIN4 and H2AC12.

In the protein network (Fig. 4), the three main biological pathways were found to be significantly interconnected in one network. The enrichment analysis on the 25 putative protein biomarkers using Metascape® database, allowed the identification of 9 significantly enriched Gene Ontology (GO) terms (Fig. 5A,B). The top GO term was “GO:0003012: Muscle system process” followed by “GO:0007517: Muscle organ development”, “GO:0046034: ATP metabolic process”, “R-HSA-397014: Muscle contraction”, “GO:0030036: Actin cytoskeleton organization”, “GO:0048545: Response to steroid hormone”, “WP4754: IL-18 signaling pathway”, “GO:0042060: Wound healing” and “GO:1901137: Carbohydrate derivative biosynthetic process” (Fig. 5A). The GO terms were interconnected in an enriched network (Fig. 5B) with two conserved and distinct significant molecular complex detection sub-networks (Fig. 5C) corresponding to “muscle contraction” (MCOE1, $n = 8$ proteins) and “ATP metabolic process” (MCOE2, $n =$

Table 4

List of the 25 differentially abundant proteins (DAPs), organized by biological family, identified by Analysis of Variance at a level of 5% to differ among the three texture quality clusters built using myofibrillar fragmentation index.

| Full protein name | Gene name | Uniprot ID | Low-Q (n = 7) ¹ | Medium-Q (n = 7) | High-Q (n = 6) | P-value ² |
|--|-----------|------------|-------------------------------|---------------------|---------------------|----------------------|
| <i>Muscle structure (n = 10)</i> | | | | | | |
| Myosin light chain 1/3 | MYL1 | A0A452EUN1 | 5.34 ^b | 6.65 ^a | 6.95 ^a | 0.009 |
| Myosin light chain 4 | MYL4 | A0A452EQ73 | -1.19 ^a | -1.65 ^b | -1.76 ^b | 0.026 |
| Myosin regulatory light chain 2 | MYL6B | A0A452DPJ6 | -0.50 ^b | 0.85 ^a | -0.28 ^b | 0.018 |
| Myosin light chain 6B | MYL6B | A0A452DSU5 | -0.80 ^c | 0.76 ^b | 1.24 ^a | 0.015 |
| Myosin-1 | MYH1 | A0A452G9P5 | 11.53 ^b | 12.79 ^b | 13.13 ^a | 0.004 |
| Myosin-2 | MYH2 | A0A452G8R7 | -2.33 ^a | -3.49 ^b | -4.16 ^b | 0.009 |
| Actin, alpha skeletal muscle | ACTA1 | A0A452EFE6 | -3.09 ^a | -6.06 ^b | -5.41 ^c | 0.006 |
| Beta-actin-like protein 2 | ACTBL2 | A0A452DT40 | -2.94 ^a | -5.02 ^b | -4.41 ^b | 0.034 |
| Four and a half LIM domains protein 1 | FHL1 | Q13642 | 0.72 ^b | 2.37 ^a | 2.62 ^a | 0.008 |
| Myozenin-1 | MYOZ1 | A0A452DLN0 | 0.26 ^b | 1.63 ^a | -0.08 ^c | 0.036 |
| <i>Energy metabolism (n = 6)</i> | | | | | | |
| Fructose-bisphosphate aldolase A | ALDOA | A0A452EGY9 | -0.37 ^c | 0.44 ^a | 0.03 ^b | 0.009 |
| Phosphoglycerate mutase 2 | PGAM2 | A0A452DR91 | -1.74 ^a | -4.33 ^b | -3.71 ^b | 0.024 |
| ATP synthase subunit alpha, mitochondrial | ATP5F1A | A0A452EN82 | 0.18 ^c | 1.71 ^b | 1.92 ^a | 0.005 |
| Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase | GAPDH | A0A452FNW6 | -1.39 ^a | -4.77 ^b | -4.08 ^b | 0.010 |
| Phosphoglucosmutase-1 | PGM1 | A0A452F6J5 | -3.29 ^c | -1.79 ^b | -0.82 ^a | 0.001 |
| ATPase inhibitor, mitochondrial | ATP5IF1 | A0A452DUN3 | 5.03 ^b | 5.94 ^a | 5.55 ^{a,b} | 0.037 |
| <i>Heat Shock Proteins (n = 2)</i> | | | | | | |
| Heat shock protein beta-1 | HSPB1 | A0A452ESU7 | -0.34 ^c | 1.00 ^b | 1.40 ^a | 0.001 |
| Heat shock cognate 71 kDa protein | HSPA8 | I6ZQY0 | -1.06 ^a | -1.65 ^b | -1.76 ^b | 0.013 |
| <i>Miscellaneous proteins (n = 7)</i> | | | | | | |
| Elongation factor 2 | EEF2 | A0A452EIR1 | -1.77 ^c | -0.39 ^b | 0.06 ^a | 0.002 |
| Serpin family A member 1 | SERPINA1 | A0A452FJ07 | -1.84 ^c | -0.52 ^b | -0.04 ^a | 0.007 |
| Ewing’s tumor-associated antigen 1 homolog | ETAA1 | A0A452G9X0 | -1.06 ^a | -1.40 ^b | -1.59 ^b | 0.026 |
| Leucine carboxyl methyltransferase 2 | LCMT2 | A0A452DQ16 | -0.78 ^a | -5.24 ^b | -6.70 ^b | 0.030 |
| Histone H2A type 1-H | H2AC12 | Q96KK5 | 0.03 ^b | 0.49 ^a | -0.84 ^c | 0.005 |
| Caveolae-associated protein 4 | CAVIN4 | A0A452E015 | -1.51 ^b | -0.90 ^a | -1.41 ^b | 0.035 |
| Tripartite motif containing 72 | TRIM72 | A0A452FH94 | 2.92 ^b | 3.24 ^a | 3.47 ^a | 0.039 |

¹ Arbitrary units for each protein in the same row not followed by a common letter (a-c) differ significantly: $P < 0.05$.

² Significances: ns: not significant; * $p < 0.05$; ** $p < 0.01$; *** $p < 0.001$.

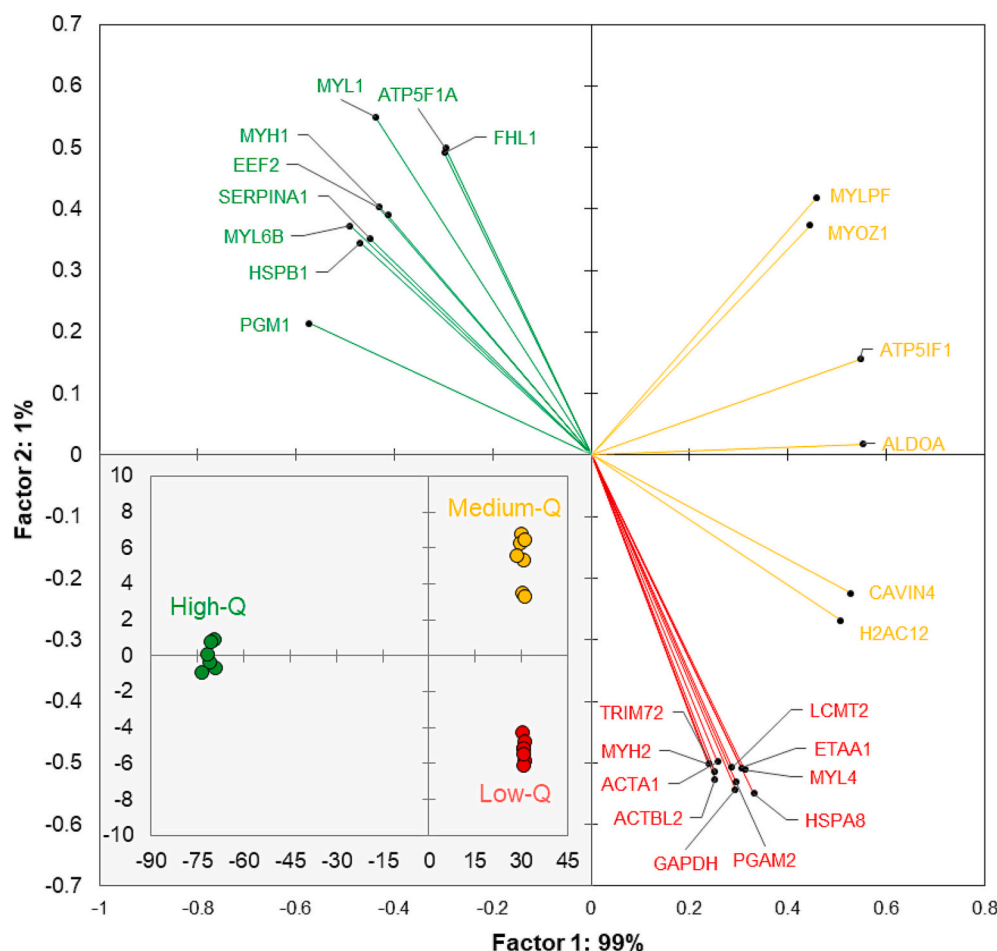


Fig. 3. Linear discriminant analysis (LDA) for best classification of the three texture quality clusters identified based on myofibrillar fragmentation index using the 25 differentially abundant proteins (DAPs). The x-axis allows alone to separate the groups and proteins with high prediction accuracy. An insert, bi-plot, at the bottom right of the LDA is showing the level of the separation of the three clusters and degree of clones of the individuals within each group. The proteins abundant in each quality cluster are highlighted with the corresponding colors: green (High-Q), orange (Medium-Q) and red (Low-Q). (For interpretation of the references to color in this figure legend, the reader is referred to the web version of this article.)

5 proteins).

3.2.1. Pivotal role of muscle system process in goat meat texture determination

The identification of a high number of muscle structure and myofibrillar proteins as discriminating biomarkers validates the experimental approach we used, *i.e.*, focusing on texture through an in-depth evaluation of myofibrillar fragmentation index and water retention/loss. Muscle system process was the top most enriched pathway (Fig. 5). These findings are consistent with established literature on the role that muscle structure and related pathways play in the determination of texture [55], further revealed by several proteomics studies [15]. MFI as a texture indicator used to evaluate goat meat texture was significantly correlated with several cytoskeleton proteins (Fig. 6), from which several are known as primary features changing during post-mortem aging [56]. Indeed, the breakdown of structural proteins by endogenous proteolytic systems is a key inducing factor [57] and it has a major role in determining meat tenderness [58,59]. Apoptosis onset and proteolysis processes occurring early post-mortem with continuous effect during aging lead to a loss in the integrity of several parts of the sarcomere and consequently to the breakdown of the myofibrils [13–15], thereby explaining the identification of six protein members as related to the contractile proteins of heavy and light myosin chains. Myosin is one of the major structural proteins in muscle, and its content, composition, and rate of degradation are the major factors affecting final meat tenderness [56,60]. In more detail, the post-mortem structural changes and their extent have been attributed to multi-enzymatic processes, including calpains, caspases, and cathepsins, which all play in a sophisticated manner significant roles in the development of meat

texture [16,58]. The known evidence of the relationship between proteolysis and meat tenderization [59], was further confirmed in this trial by the significant enrichment of 4 from 9 GO terms (Table 5 and Fig. 5) exclusively related to “GO:0003012: Muscle system process”, “GO:0007517: Muscle organ development”, “R-HSA-397014: Muscle contraction” and “GO:0030036: Actin cytoskeleton organization”.

During the post-mortem storage, the myofibrils of goat meat seemed to be weakened into shorter segments and certain proteins of interest identified in this trial support the increase during aging of MFI values through their positive associations (Fig. 6), especially for the High-Q cluster. Z-disk degradation was suggested since the earlier studies as one of the major factors contributing to meat tenderization [61]. This has been evidenced in this study by changes in the abundances of ACTA1, ACTBL2, FHL1 and MYOZ1, all located in the Z-disk [15,62]. However, the proteolytic breakdown in link with meat tenderization can be also manifested with breaks at the junction of the I-band and the Z-disk adjacent to the Z-disk at N2 lines [63], in support of the identification of other myofibrillar proteins outside the Z-disk degradation from the thick filament (Table 4 and Fig. 4).

3.2.2. Significant role of energy metabolism in the interconnected pathways driving the conversion of goat muscle into meat

Studies investigating modifications in post-mortem muscle, namely within the 48 h, have described changes in energy metabolism compared to that in the live animal [14,64]. The advances of meat research proteomics in the last decade strengthened the evidence and importance of post-mortem metabolism in meat quality determination, mainly through better analyses of the dynamic changes occurring during the rigor and tenderization phases [15,65]. In line with this body of knowledge, our

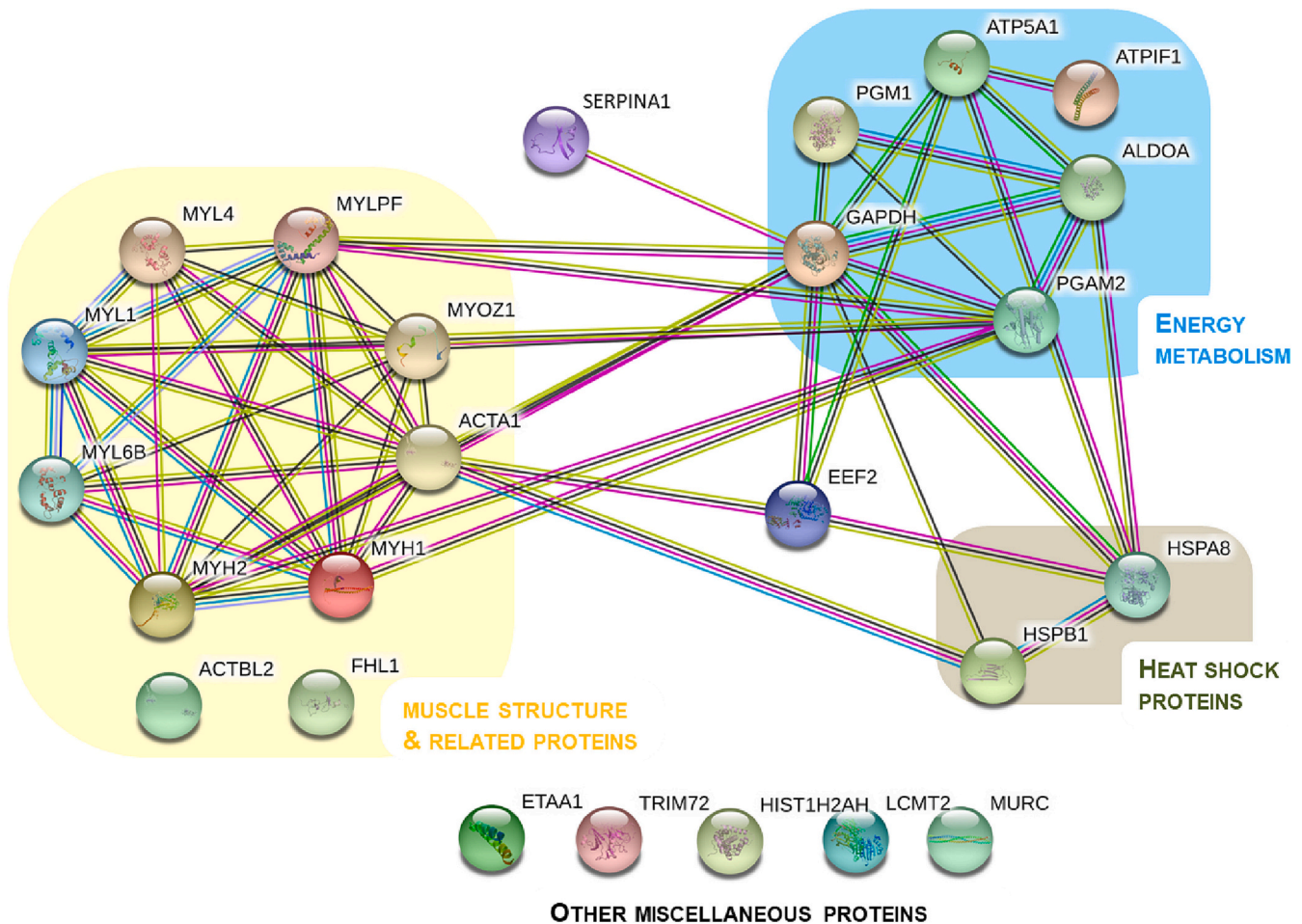


Fig. 4. Protein-Protein interaction network built using the web-based search STRING database (<https://string-db.org/>) based on the 25 differentially abundant proteins (DAPs) (Table 4) among the three texture quality traits (Fig. 1).

study revealed 6 proteins from energy metabolism and ATP metabolic process (Table 4 and Fig. 4). This is the second most important pathway impacting goat meat texture development in this study (Fig. 5). Four proteins are glycolytic enzymes (PGM1, ALDOA, GAPDH and PGAM2), and two with ATP synthase function (ATP5F1A and ATP5IF1) are from mitochondria involved in the oxidative phosphorylation pathway [15,66]. The identification of more proteins involved in glycolysis rather than those involved in the TCA cycle and oxidative phosphorylation pathways may be explained by decreased aerobic and increased anaerobic metabolic capacity in the muscle [67]. Nevertheless, proteome changes during the rigor development with a shift in post-mortem muscle energy metabolism towards the glycolytic pathway and to some extent to aerobic energy metabolism have been previously reported [68]. The changing enzymes in this trial, especially those from the energy-yielding phase of glycolysis, might be explained by the aim of replenishing the ATP levels in the muscle in an attempt of maintaining muscle in a relaxed state [69]. In fact, ATP production is needed to keep cellular ATP constant, hence allowing a continuous (short) contraction of muscle immediately after animal bleeding. Furthermore, the production of ATP in post-mortem muscle has been described to have a key role in the apoptosis onset among other cell-death processes, known as energy-dependent mechanisms [14]. The identification of PGM1, PGAM2, GAPDH and ATP5F1A among others as changing proteins with impact on goat meat quality is in agreement with previous studies from goat [20,22] and other species such lamb [70], beef [71,72], horse [73] and donkey [17]. Consistent with our findings, several studies reported relationships between the above enzymes and the glycolytic rate with impact on post-mortem tenderization [12,14,74,75], hence confirming

that energy metabolism and ATP metabolic process are key in understanding the differences in goat meat quality.

3.2.3. Response to cellular stress and protein folding

Extremely conserved within species, chaperone proteins known also as heat shock proteins (HSPs) play a pivotal role in protein folding, protein transport, assembly of protein complexes, cell cycle control and signaling, but also in the protection of cells against cellular stress and/or apoptosis [12]. The involvement in this study of two HSPs (HSPB1 and HSPA8) in the development of goat meat quality and texture is very relevant. This is in agreement with most meat research proteomics studies that often confirmed differential abundances across treatments of HSPs [12,15].

Changes in the abundances of HSP members can be partly related to the cellular stress induced by animal death, hence they are a way to cope with the lack of blood supply post-mortem. The small chaperone HSPB1 would play a protective role in muscle protein degradation and/or adaptation to the glycolysing conditions of the post-mortem muscle [76]. Even related to meat quality in different directions, *i.e.*, negative and/or positive, depending on studies/factors; HSPB1 is one of the most frequently identified proteins in the literature of meat research proteomics [9,15]. It has been reported to protect myofibrillar proteins such as desmin, actin and troponins from μ -calpain action as well as in inhibiting caspase-3 activation [77].

HSPA8, a large 70 kDa inducible protein, was in this study more abundant in the Low-Q cluster. In fact, HSPA8 could have accumulated in the cytoskeletal and myofibrillar proteins intending to improve muscle structure stability. This can occur through two main

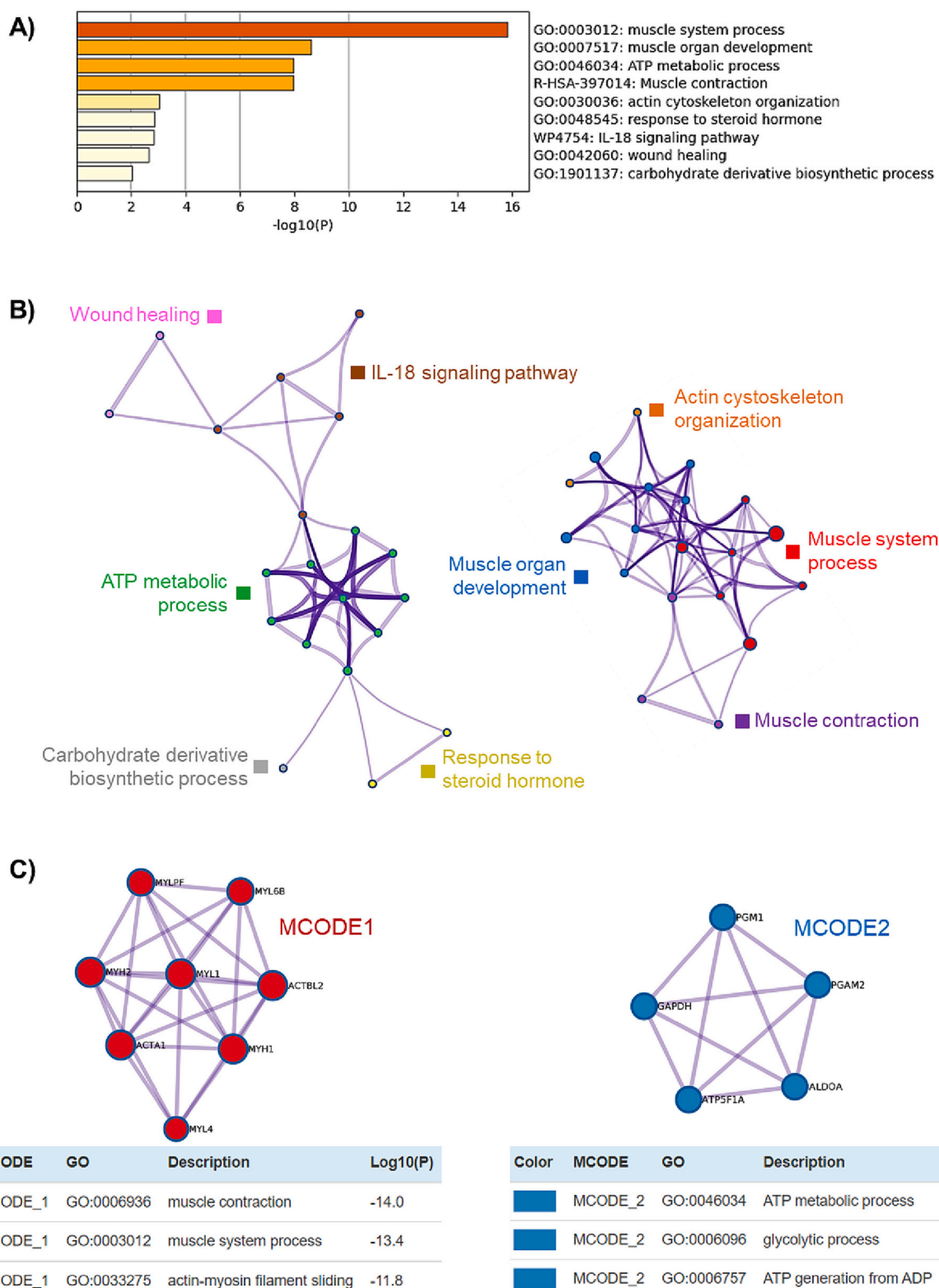


Fig. 5. Bioinformatics analyses performed by Metascape® (<https://metascape.org/>) using the 25 differentially abundant proteins (DAPs) (Table 4) among the three texture quality traits of the 20 male goats. **A)** Significant enriched TOP 9 Gene Ontology (GO) terms. The bar graphs are colored according to *P*-values: terms with a *P*-value < 0.01, a minimum count of 3, and an enrichment factor > 1.5. **B)** Enriched ontology network where each GO cluster term is presented with the corresponding color. The sizes of the nodes reflect the enrichment significance of the terms. **C)** Molecular complex detection (MCODE) enrichment analysis highlighting two key significant modular MCODEs. Each node represents a protein, and the edge between nodes represents the interaction between two connected proteins. The description of the two significant modules from the network is given in the bottom of each MCODE.

| Proteins | pH 30min | pH 6h | pH 24h | L* 24h | a* 24h | b* 24h | WHC 24h | WHC 48h | Drip loss (%) 24h | Drip loss (%) 48h | Cook loss (%) 24h | Cook loss (%) 48h | MFI 6h | MFI 24h | MFI 48h | Total |
|-------------------------------|-----------|----------|----------|--------------|----------|----------|------------|----------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|------------|-----------|-----------|-------|
| Muscle structure | | | | 0.69 | | | 0.52 | 0.52 | -0.71 | -0.65 | | -0.65 | 0.63 | 0.56 | 0.59 | 9 |
| MYL1 | | | | 0.69 | | | 0.52 | 0.52 | -0.71 | -0.65 | | -0.65 | 0.63 | 0.56 | 0.59 | 9 |
| MYL4 | | | | -0.47 | | | | | 0.54 | 0.52 | | 0.49 | -0.47 | -0.48 | -0.51 | 7 |
| MYLPF | | | | | 0.52 | | | -0.49 | | | | | | | | 2 |
| MYL6B | -0.63 | -0.45 | | 0.61 | | | | | -0.45 | -0.52 | | | 0.57 | 0.62 | 0.64 | 8 |
| MYH1 | | | | | | | | 0.45 | -0.50 | -0.55 | | -0.57 | | | 0.58 | 5 |
| MYH2 | | | | | | | | | | 0.62 | | 0.53 | | | -0.45 | 3 |
| ACTA1 | | | | | | | | | 0.45 | 0.58 | | 0.50 | | | -0.45 | 4 |
| ACTBL2 | | | | | | | | | 0.48 | 0.63 | | 0.50 | | | -0.45 | 4 |
| FHL1 | | | | | | | | | | -0.55 | | | | 0.47 | 0.52 | 3 |
| MYOZ1 | 0.52 | | | | | | | | | | | | | -0.42 | -0.35 | 3 |
| Energy metabolism | | | | | | | | -0.52 | | | | | | -0.45 | -0.48 | 3 |
| ALDOA | | | | | | | | -0.52 | | | | | | -0.45 | -0.48 | 3 |
| PGAM2 | | | | | | | | | 0.51 | 0.66 | | 0.55 | -0.45 | | -0.48 | 5 |
| ATP5F1A | | | | | | | | | -0.47 | -0.64 | | | | | 0.50 | 3 |
| GAPDH | | | | -0.45 | | | | | 0.56 | 0.63 | | 0.54 | -0.46 | -0.45 | -0.50 | 7 |
| PGM1 | | | | 0.49 | -0.46 | | | 0.51 | | | | | 0.50 | 0.59 | 0.67 | 6 |
| ATP5IF1 | | | | -0.45 | | | | | | | | | | | -0.45 | 2 |
| Heat shock proteins | | | -0.48 | 0.48 | | | 0.52 | 0.46 | -0.57 | -0.60 | | -0.52 | | 0.45 | 0.49 | 9 |
| HSPB1 | | | -0.48 | 0.48 | | | 0.52 | 0.46 | -0.57 | -0.60 | | -0.52 | | 0.45 | 0.49 | 9 |
| HSPA8 | | | | -0.45 | | | | | 0.60 | 0.56 | | 0.47 | -0.49 | -0.50 | -0.55 | 7 |
| Miscellaneous proteins | -0.51 | | -0.53 | 0.54 | | | | | -0.65 | -0.71 | | -0.45 | 0.48 | 0.48 | 0.48 | 9 |
| EEF2 | -0.51 | | -0.53 | 0.54 | | | | | -0.65 | -0.71 | | -0.45 | 0.48 | 0.48 | 0.48 | 9 |
| SERPINA1 | | | -0.55 | | | | 0.56 | | -0.49 | -0.54 | | | | 0.55 | 0.60 | 6 |
| ETAA1 | | | | | | | | | 0.62 | 0.60 | | 0.68 | -0.45 | | -0.52 | 5 |
| LCMT2 | | | | | | | | | 0.50 | 0.67 | | 0.54 | | | -0.47 | 4 |
| H2AC12 | | | | -0.60 | | | | -0.47 | 0.56 | 0.51 | | 0.47 | -0.59 | -0.50 | -0.54 | 8 |
| CAVIN4 | | | | -0.47 | | | | | | | 0.45 | 0.55 | | -0.49 | -0.63 | 5 |
| TRIM72 | | | | | | | | | 0.56 | 0.60 | | 0.46 | | | | 3 |
| Total | 3 | 1 | 3 | 11 | 2 | 0 | 3 | 7 | 17 | 19 | 1 | 16 | 10 | 14 | 23 | |
| | pH | | | Color | | | WHC | | Drip loss | | Cook loss | | MFI | | | |

Fig. 6. Pearson correlation analyses between the quality traits evaluated at different post-mortem times and the 25 differentially abundant proteins (DAPs) (Table 4) among the three texture quality traits (Fig. 1) organized by biological family. The negative and positive significant coefficient of correlation are highlighted with red and green color, respectively. The total number of correlations found for each protein are given on the right and highlighted with a gradual color to indicate the proteins mostly identified. The total number of correlations found for each quality trait are given in the bottom and highlighted with a gradual color. (For interpretation of the references to color in this figure legend, the reader is referred to the web version of this article.)

mechanisms, firstly due to its role in maintaining muscle cell integrity and repair of denatured proteins [78]. Second, to the response to stress load before or during slaughter or other pre-, peri- and post-slaughter stress factors including transport and mixing with unfamiliar animals [13,79], thereby showing higher abundances in Low-Q samples (Fig. 3). In fact, HSPA8 accumulates in the cytoskeletal and myofibrillar proteins with the aim of improving muscle structure stability [11,80], and by doing so, mainly in the Low-Q texture cluster, it could lead to reduced fragmentation of the myofibrils. Interestingly, both HSPB1 and HSPA8 were in this study connected to each other and with proteins from the energy metabolism and muscle structure pathways (Fig. 4). Taken all together, further research is necessary to better understand the specific role of HSPs in goat meat quality determination.

3.3. Putative protein biomarkers correlated with the goat meat quality traits

For a better management of meat quality traits, proteomics has been further used beyond the objective of unveiling the underlying mechanisms of muscle-to-meat conversion as discussed above, but also with the aim of identifying potential candidate biomarkers to explain/predict the variability in meat eating quality [9]. Referring to this lofty goal, the 25 differentially abundant proteins (DAPs) were correlated with the multiple goat meat quality traits (q = 15) evaluated in this study (Fig. 6). The total number of correlations for each protein irrespective of the quality trait and vice versa were also depicted. Furthermore, best regression equations were built for each quality trait when possible following a parsimony rule of a maximum of two candidate protein

Table 5

TOP 9 Gene Ontology (GO) clusters related to Fig. 5A,B with their representative enriched terms (one per cluster) using the 25 differentially abundant proteins (DAPs) among the three texture quality clusters of goat males.

| Gene Ontology (GO) | Category ^a | Description | Count | Proteins | % | Log10 (P) ^b | Log10 (q) ^c |
|--------------------|-------------------------|--|-------|--|----|------------------------|------------------------|
| GO:0003012 | GO Biological Processes | Muscle system process | 11 | ACTA1, ALDOA, MYH1, MYH2, MYL1, MYL4, PGAM2, MYLPF, MYOZ1, MYL6B, TRIM72 | 44 | -15.83 | -11.49 |
| GO:0007517 | GO Biological Processes | Muscle organ development | 7 | ACTA1, FHLL1, MYLPF, MYOZ1, MYL6B, CAVIN4, TRIM72 | 28 | -8.59 | -4.85 |
| GO:0046034 | GO Biological Processes | ATP metabolic process | 6 | ALDOA, ATP5F1A, GAPDH, HSPA8, PGAM2, PGM1 | 24 | -7.97 | -4.38 |
| R-HSA-397014 | Reactome Gene Sets | Muscle contraction | 6 | ACTA1, MYL1, MYL4, MYLPF, MYL6B, TRIM72 | 24 | -7.94 | -4.38 |
| GO:0030036 | GO Biological Processes | Actin cytoskeleton organization | 4 | ACTA1, ALDOA, MYOZ1, ACTBL2 | 16 | -3.02 | -0.42 |
| GO:0048545 | GO Biological Processes | Response to steroid hormone | 3 | ACTA1, ATP5F1A, HSPA8 | 12 | -2.84 | -0.25 |
| WP4754 | WikiPathways | IL-18 signaling pathway | 4 | ACTA1, EEF2, HSPB1, SERPINA1 | 12 | -2.81 | -0.23 |
| GO:0042060 | GO Biological Processes | Wound healing | 3 | HSPB1, MYOZ1, TRIM72 | 12 | -2.62 | -0.04 |
| GO:1901137 | GO Biological Processes | Carbohydrate derivative biosynthetic process | 3 | ALDOA, ATP5F1A, LCMT2 | 12 | -2.03 | 0 |

^a The GO analysis was performed using Metascape® (<https://metascape.org/>) based on Biological Processes, Reactome gene sets and WikiPathways.

^b The *p*-value is log base 10.

^c Adjusted Benjamini–Hochberg *p*-value correction.

biomarkers (Table 6). In the following sections, the correlated and retained proteins in each category of quality traits are discussed.

3.3.1. Myofibrillar fragmentation index

As expected, the highest number of correlated proteins were for MFI quality traits with 10, 14 and 23 correlations for 6 h, 24 h and 48 h post-mortem times, respectively (Fig. 6). Eight proteins from the four interconnected biological pathways (Fig. 4) were common to the three post-mortem times and in the same direction, these being MYL1, MYL6B, PGM1 and EEF2 (all positive) and MYL4, GAPDH, HSPA8, and H2AC12 (all negative). The regression models irrespective of the post-mortem time explained from 57% to 62% of MFI variation and retained among the common proteins MYL1, PGM1 and HSPA8 (Table 6). Further, MYOZ1 was common to MFI 6 h and 24 h models, while SERPINA1 was retained with PGM1 in the best MFI 48 h model explaining 62% of the variability (Table 6).

Several of these proteins were previously reported as biomarkers of high and low goat meat quality using proteome and/or phosphoproteome studies [20–22]. Among them, myosin light chains were proposed as biomarkers of meat eating quality traits within different species [11,17,73]. MYL1 encoding for a myosin alkali light chain and expressed in fast-twitch muscle fibres was in this study the top protein correlated 9 times with several quality traits (Table 6). MYL1 was previously short-listed by an integromics study as a top biomarker of beef tenderness [15]. The positive correlation of MYL1 with MFI is in the same trend observed for MYH1 (fast myosin IIX fibres), which can be related to increased abundance of MYL1 in muscles of leaner animals [11] and consistent with the characteristics of goat meat known to have less fat [81]. PGM1, a key enzyme in glycolysis and glycogenesis, was also shortlisted by the integromics study of Gagaoua et al. [15] as a candidate biomarker of meat texture. Anderson et al. [82] reported in agreement with our findings greater abundances of PGM1 in tender meat samples. A similar trend has been recently confirmed in Chinese indigenous cashmere goat for the two isoforms of PGM [20]. The negative correlation of the 70 kDa chaperone (HSPA8) is in agreement with the body of knowledge on the anti-apoptotic and negative roles of heat shock proteins in meat tenderization [12,76,78,83,84], thereby explaining the low MFI values for Low-Q texture cluster. In support of this, H2AC12, a histone h2a family member from the core component of nucleosome and involved in cellular response to DNA damage, was negatively correlated to MFI whatever the post-mortem time. The involvement of histones agrees with earlier proteomics studies that identified members as

biomarkers of beef tenderness [83]. During cellular stress, members of histone H2A family might recruit metabolic enzymes to trigger energy production and increase protein synthesis, and by doing so, they involve proteins of response to stress such as HSPA8 to protect from degradation muscle cells proteins [85].

Identification of EEF2 as a meat quality biomarker in small ruminants, is to the best of our knowledge never reported. Elongation factor 2 (EEF2) is thought to play a role in the ribosome to translate mRNA into protein, mainly by the catalysis of the GTP-dependent ribosomal translocation step [86]. The several correlations of EEF2 beyond the positive relation with MFI irrespective of post-mortem time (Fig. 6), allow us to propose this protein as a potential biomarker of goat meat texture. The other role EEF2 might play in phosphorylation activity as a response to cellular stress asks for more studies to decipher the mechanisms.

3.3.2. Water-holding capacity, drip and cook losses

A significant number of proteins from the four biological pathways were correlated with drip loss: 17 and 19 correlations for 24 h and 48 h post-mortem times, respectively (Fig. 6). For cook loss, 16 correlations were found for 48 h and one positive correlation (CAVIN4) only was observed for 24 h. CAVIN4 known also as MURC (muscle-restricted coiled-coil protein) is the only protein related to goat meat cook loss at 24 h and 48 h. CAVIN4 localized to the sarcolemmal membrane, is a caveolin protein involved in the caveola biogenesis and function with key protecting role of the cell surface of the skeletal muscle against mechanical stress damage [87]. For drip and cook losses, an overlap of 15 proteins was observed (Fig. 6), and they were always in the same direction, suggesting interrelated biochemical mechanisms and pathways. For WHC, very few correlations have been identified with only 3 positive associations for WHC 24 h (MYL1, HSPB1 and SERPINA1) and 7 correlations for WHC 48 h (Fig. 6).

The involvement of several proteins in the variability of drip loss is consistent with the body of knowledge and earlier proteomics studies that focused on this key parameter [10,21,88]. In agreement to our findings the current knowledge gained by proteomics evidenced myofibrillar and associated proteins, energy metabolism, apoptosis and response to stress proteins as the major pathways contributing to the determination of WHC and drip loss. Degradation of goat meat muscle proteins during the post-mortem period as discussed above can be related to the development of, and the improvement in, texture quality traits including water retention/loss [57]. Multiple post-mortem events such as pH decline, apoptosis, proteolysis, and protein oxidation are

Table 6

Regression (best) models of the different 15 meat quality traits using the 25 differentially abundant proteins (DAPs) following a parsimony rule of two proteins maximum to consider in the model.

| Meat quality trait | R-Squared | Entered proteins | Regression Coefficient | t-Value | p-Value |
|--|-----------|------------------|------------------------|---------|---------|
| <i>pH traits</i> | | | | | |
| pH 30 min | 0.57*** | MYOZ1 | 0.56 | 3.48 | ** |
| | | EEF2 | -0.54 | -3.40 | ** |
| pH 6 h ^a | - | - | - | - | - |
| pH 24 h | 0.42** | EEF2 | -0.37 | -1.86 | t |
| | | SERPINA1 | -0.41 | -2.04 | * |
| <i>Color traits</i> | | | | | |
| L* 24 h | 0.62*** | MYL1 | 0.75 | 4.97 | *** |
| | | MYOZ1 | -0.39 | -2.57 | * |
| a* 24 h | 0.39* | MYLPF | 0.56 | 2.95 | ** |
| | | PGAM2 | 0.36 | 1.89 | t |
| b* 24 h ^a | - | - | - | - | - |
| <i>Water retention/loss: Water-holding capacity, drip and cook losses traits</i> | | | | | |
| WHC 24 h | 0.45** | MYL1 | 0.39 | 2.05 | * |
| | | SERPINA1 | 0.45 | 2.40 | * |
| WHC 48 h | 0.54** | HSPB1 | 0.56 | 3.35 | ** |
| | | MYLPF | -0.58 | -3.49 | ** |
| Drip loss (%) 24 h | 0.66*** | EEF2 | -0.54 | -3.67 | ** |
| | | ETAA1 | 0.49 | 3.37 | ** |
| Drip loss (%) 48 h | 0.70*** | EEF2 | -0.61 | -4.44 | *** |
| | | ETAA1 | 0.45 | 3.34 | ** |
| Cook loss (%) 24 h ^a | - | - | - | - | - |
| Cook loss (%) 48 h | 0.57** | ETAA1 | 0.57 | 3.37 | ** |
| | | HSPB1 | -0.33 | -1.96 | * |
| <i>Texture evaluated by Myofibrillar Fragmentation Index</i> | | | | | |
| MFI 6 h | 0.57*** | MYL1 | 0.69 | 4.30 | *** |
| | | MYOZ1 | -0.43 | -2.66 | * |
| MFI 24 h | 0.57*** | MYOZ1 | -0.58 | -3.53 | ** |
| | | HSPA8 | -0.65 | -3.94 | ** |
| MFI 48 h | 0.62*** | SERPINA1 | 0.42 | 2.67 | ** |
| | | PGM1 | 0.54 | 3.40 | ** |

Abbreviations: MFI: Myofibrillar fragmentation index; L*: lightness; a*: redness; b*: yellowness; WHC: Water-holding capacity. The full names of the proteins are given in Table 4.

Significances: t: tendency $p < 0.1$; * $p < 0.05$; ** $p < 0.01$; *** $p < 0.001$.

^a No variable could be entered in the model given the input criteria and thresholds.

major muscle factors impacting water retention/loss [51,57]. This is further evidenced by the strong and high correlation coefficients observed whatever the post-mortem time between WHC and drip loss values with MFI (Table 3).

Overall, poor values of water retention in meat may cause reduced water content, thereby affecting the sensory (juiciness and tenderness), technological (yield and processing) and nutritional (loss of valuable nutrients) qualities [9,51]. Several of the proteins correlated with WHC, drip and cook losses in this study are known biomarkers of meat quality and goat drip loss, for instance referring to those reported in an earlier proteomics study that investigated three goat breeds (Huang-Huai, Boer, and Boer x Laoshan white) using divergent *Longissimus thoracis* samples of high and low drip loss [21]. Among the 10 DAPs structural proteins, 8 were correlated with drip loss (Fig. 6), from which MYL1, MYL6B, MYH1, MYH2, ACTA1 and ACTBL2 have been reported by Wang et al.

[21]. In agreement to our findings, MYH1 (fast myosin IIX fibres) was the only biomarker whatever the breed that was in the same direction (negative) with drip loss. Consistent to this, Bernevic et al. [89] reported in their proteomics study the importance of protein denaturation in pork WHC and revealed correlations with carbonylated proteins mainly with myofibrillar proteins such as actin (ACTA1) and isoforms of myosin. Actin is used as a hallmark of programmed cell death because of its early post-mortem degradation by caspases during the apoptosis onset [14]. However, compared to Wang et al. [21], actin was in this trial in the same direction (positive) for Boer goat only, but not for Boer x Laoshan white goat (negative). The issue of the inversion of the associations between protein biomarkers and meat quality traits, for instance within breeds, has been previously pointed out [90,91].

Among the energy metabolism proteins, 3 candidate biomarkers (PGAM2, ATP5F1A and GAPDH) were identified (Fig. 6) from which ATP5F1A was also identified by Wang et al. [21], but with inverted direction to our findings. Changes in the metabolic enzymes in relation to WHC and drip loss has been intensively documented [88], and thought to be mostly related to the impact on the denaturation of proteins due to the acidic conditions in the post-mortem muscle. For example, a higher abundance of ATP synthase subunit was found in pork muscle classified as high drip loss [92]. Overall, enzymes and proteins implicated in glycolysis, lactic acid production and oxidative phosphorylation pathways are key molecular signatures of water retention/loss in meat [9].

In response to cellular stress, it is very interesting to observe both HSPB1 (negative) and HSPA8 (positive) correlated with water retention/loss parameters, more importantly with drip loss (Fig. 6). These results are in agreement with proteomics data on goat [20–22] and other species, especially pork, with the main objective of understanding drip loss [9,10,92]. HSPB1 was in this study increasing by decreasing ultimate pH (pH 24 h), consequently causing myofibrillar structural damage (positive correlation with MFI and L*), thereby leading to an increase in drip loss (or a decrease in WHC). The implication of HSPB1 and HSPA8 in drip loss and WHC determination of goat meat could be partly ascribed to their chaperoning function, in essence, to the protection of structural functions such as actin against denaturation and function loss [12]. In this study, both HSPB1 and HSPA8 were interacting in the protein network with ACTA1 (Fig. 4), suggesting a pivotal role in controlling actin filament dynamics and degradation. Yu and co-workers investigated in a targeted manner several HSPs, including HSPB1 and HSPA8, to understand the phenomenon of pork drip loss [93]. Consistent to our findings, the authors reported a close association between the abundance of these chaperones and variability of water loss in post-mortem muscle. These findings were further confirmed by another study using two-dimensional difference gel electrophoresis [94]. Thanks to their multifunctional roles, HSPs can also contribute to the cellular defence mechanisms against oxidative stress, hence delaying the impact of reactive oxygen species on muscle structure. Despite these interesting findings, more research is required to clarify the role of HSPs in goat meat water retention/loss.

From the miscellaneous proteins, tripartite motif-containing protein 72 (TRIM72) previously reported as an interesting biomarker of meat quality, mainly on beef [18,95], was positively correlated here with drip loss (24 h and 48 h) and cook loss 48 h (Fig. 6). In contrast to our study, TRIM72 was under-expressed in high drip loss samples of Boer x Laoshan white goat [21]. Differences in the contractile and metabolic properties in the muscles of the breeds along of the slaughter conditions could be the reason of the disparities between studies [18], especially for TRIM72 known to be involved in oxidative stress and clearance of apoptotic agents [96,97]. It is worth noting that TRIM72 was in this study a marker of drip and cook losses only, thus further investigation into TRIM72 and its relation to water retention/loss determination in goat meat and other species is necessary. Finally, EEF2 already discussed above, was found to be strongly correlated (negatively) with drip loss 24 h and 48 h and retained together with Ewing tumor-associated antigen 1

(ETAA1) in their regression equations as the first explanatory proteins (Table 6). Both EEF2 and ETAA1 allowed to achieve highest prediction powers of 66% and 70% to explain drip loss 24 h and 48 h, respectively. Very little is known about ETAA1 in meat research. It was reported by Wang et al. [98] to be associated with fat deposition in sheep. In this specific case, further research is needed to clarify the role of these proteins in goat meat water retention/loss.

3.3.3. Color traits and pH

Certain of the DAPs proteins were also found to be correlated with goat meat color traits, but most importantly with L^* values (Fig. 6), by the observation of 11 correlations (MYL1, MYL4, MYL6B, GAPDH, PGM1, ATP5IF1, HSPB1, HSPA8, EEF2, H2AC12 and CAVIN4). None of the DAPs was correlated with b^* values and only MYLPF (positive) and PGM1 (negative) were correlated with a^* values. The application of proteomics to investigate meat color has been widely performed and recently reviewed (for review refer to [9,10,71]). The comparison of our results to the integromics study by Gagaoua and co-workers on beef color biomarkers [71] and horse color proteomics [99], revealed significant overlap with the proteins retained in this study. The correlations between the proteins with L^* values in this study were in the same direction as those of MFI, which means that the underlying mechanisms are quite similar. Targeted studies on goat meat color and proteomics in the context of stability over aging times are needed in the near future, especially in the context of extensive production systems.

For pH, only 5 proteins were correlated with pH traits (Fig. 6). MYL6B was negative and common to pH 30 min and 6 h, while EEF2 was negative with pH 30 min and 24 h. MYOZ1 (positive), HSPB1 and SERPINA1 (both negative) were specific to pH 30 min and pH 24 h, respectively. The identification of few related proteins with pH may be due to the experimental design that focused on texture cluster to identify DAPs. Moreover, the very narrow range with respect to ultimate pH of the goat carcasses can be the other reason, as previously reported [34]. It is worthy to note that none of the energy metabolism enzymes was correlated with pH of goat meat in this study. The negative correlation between HSPB1 and SERPINA1 with pH 24 is of interest as both of them are related to response to stress and anti-inflammatory properties, respectively. SERPINA1, a member of the serpin superfamily with evidenced roles in muscle to meat conversion [100] and meat quality determination [101], were recently identified to be related, for instance, to lamb [70] and beef quality [33].

4. Conclusion

This study is the first to apply shotgun proteomics with the aim of investigating the proteome basis of goat meat quality and the discovery of candidate protein biomarkers of multiple eating quality traits. Molecular signatures related to muscle structure, energy metabolism with a dominance of glycolysis, and response to cellular stress along pathways such as regulation, proteolysis, apoptosis, transport and binding and tRNA processing were at interplay in the development of goat meat quality. This study allowed shortlisting candidate protein biomarkers such as myosin light chains (MYL1, MYL4 and MYL6B), glycolytic enzymes (PGM1 and GAPDH), heat shock proteins (HSPB1 and HSPA8), and other proteins involved in signaling, inflammation, proteolysis regulation, DNA damage repair and tRNA processing/calmodulin-binding (EEF2, SERPINA1 and H2AC12) as putative biomarkers of several goat meat quality traits. These proteins would feed the pipeline of biomarkers discovery for validation using appropriate methods, for instance using targeted proteomics such as parallel, multiple or selected reaction monitoring methods (PRM, MRM and SRM) and SWATH-MS (Sequential Window Acquisition of All Theoretical Mass Spectra). Several other factors of variation such as age at slaughter, aging time, production system/rearing practices and muscle types are important to consider in the future of goat meat research proteomics studies.

CRedit authorship contribution statement

Melisa Lamri: Methodology, Software, Formal analysis, Investigation, Resources, Data curation, Visualization, Funding acquisition, Project administration, Writing - original draft. **Antonella della Malva:** Methodology, Software, Writing - review & editing. **Djamel Djenane:** Writing - review & editing. **María López-Pedrouso:** Software, Writing - review & editing. **Daniel Franco:** Software, Writing - review & editing. **Marzia Albenzio:** Writing - review & editing. **José M. Lorenzo:** Writing - review & editing. **Mohammed Gagaoua:** Conceptualization, Methodology, Software, Validation, Formal analysis, Investigation, Resources, Data curation, Visualization, Supervision, Project administration, Funding acquisition, Writing - original draft, Writing - review & editing.

Declaration of Competing Interest

No potential conflict of interest was reported by the authors.

Data availability

Data will be made available on request.

Acknowledgements

The authors would like to thank the farmers and slaughterers for helping in the identification of the animals, slaughtering and muscle/meat sampling.

References

- [1] G. Alexandre, N. Mandonnet, Goat meat production in harsh environments, *Small Rumin. Res.* 60 (1) (2005) 53–66.
- [2] G. Pulina, M.J. Milán, M.P. Lavín, A. Theodoridis, E. Morin, J. Capote, D. L. Thomas, A.H.D. Francesconi, G. Caja, Invited review: current production trends, farm structures, and economics of the dairy sheep and goat sectors, *J. Dairy Sci.* 101 (8) (2018) 6715–6729.
- [3] M. Laouadi, S. Tennah, N. Kafidi, N. Antoin-Moussiaux, N. Moula, A basic characterization of small-holders' goat production systems in Laghouat area, *Algeria, Pastoralism* 8 (1) (2018) 24.
- [4] I.R. Mazhangara, E. Chivandi, J.F. Mupangwa, V. Muchenje, The potential of goat meat in the red meat industry, *Sustainability* 11 (13) (2019) 3671.
- [5] J. Boyazoglu, I. Hatziminaoglou, P. Morand-Fehr, The role of the goat in society: past, present and perspectives for the future, *Small Rumin. Res.* 60 (1) (2005) 13–23.
- [6] J.A. Moore, M.H. Poore, J.-M. Luginbuhl, By-product feeds for meat goats: effects on digestibility, ruminal environment, and carcass characteristics, *J. Anim. Sci.* 80 (7) (2002) 1752–1758.
- [7] N.-A. Ouchene-Khelifi, N. Ouchene, A. Maftah, A.B. Da Silva, M. Lafri, Assessing admixture by multivariate analyses of phenotypic differentiation in the Algerian goat livestock, *Trop. Anim. Health Prod.* 47 (7) (2015) 1343–1350.
- [8] M. Lamri, D. Djenane, M. Gagaoua, Goat meat consumption patterns and preferences in three provinces of Kabylia region in Algeria compared to other meat species: results of an online survey, *Meat Technol.* 63 (2) (2022) 96–108.
- [9] M. Gagaoua, B. Picard, Chapter 14 - Proteomics to explain and predict meat quality, in: P. Purslow (Ed.), *New Aspects of Meat Quality*, Second edition, Woodhead Publishing, 2022, pp. 393–431.
- [10] M. Gagaoua, W.M. Schilling, X. Zhang, S.P. Suman, *Applications of Proteomics in Meat Research*, Reference Module in Food Science, Elsevier, 2022.
- [11] B. Picard, M. Gagaoua, Meta-proteomics for the discovery of protein biomarkers of beef tenderness: an overview of integrated studies, *Food Res. Int.* 127 (2020), 108739.
- [12] P.P. Purslow, M. Gagaoua, R.D. Warner, Insights on meat quality from combining traditional studies and proteomics, *Meat Sci.* 174 (2021), 108423.
- [13] V. Sierra, L. González-Blanco, Y. Diñeiro, F. Díaz, M.J. García-Espina, A. Coto-Montes, M. Gagaoua, M. Oliván, New insights on the impact of cattle handling on post-mortem Myofibrillar muscle proteome and meat tenderization, *Foods* 10 (12) (2021) 3115.
- [14] A. Ouali, M. Gagaoua, Y. Boudida, S. Becila, A. Boudjellal, C.H. Herrera-Mendez, M.A. Sentandreu, Biomarkers of meat tenderness: present knowledge and perspectives in regards to our current understanding of the mechanisms involved, *Meat Sci.* 95 (4) (2013) 854–870.
- [15] M. Gagaoua, E.M.C. Terlouw, A.M. Mullen, D. Franco, R.D. Warner, J.M. Lorenzo, P.P. Purslow, D. Gerrard, D.L. Hopkins, D. Troy, B. Picard, Molecular signatures of beef tenderness: underlying mechanisms based on integromics of protein biomarkers from multi-platform proteomics studies, *Meat Sci.* 172 (2021), 108311.

- [16] M. Gagaoua, D. Troy, A.M. Mullen, The extent and rate of the appearance of the major 110 and 30 kDa proteolytic fragments during post-mortem aging of beef depend on the glycolysing rate of the muscle and aging time: an LC-MS/MS approach to decipher their proteome and associated pathways, *J. Agric. Food Chem.* 69 (1) (2021) 602–614.
- [17] A. della Malva, M. Gagaoua, A. Santillo, P. De Palo, A. Sevi, M. Albenzio, First insights about the underlying mechanisms of Martina Franca donkey meat tenderization during aging: a proteomic approach, *Meat Sci.* 193 (2022), 108925.
- [18] M. Gagaoua, M. Bonnet, M.P. Ellies-Oury, L. De Koning, B. Picard, Reverse phase protein arrays for the identification/validation of biomarkers of beef texture and their use for early classification of carcasses, *Food Chem.* 250 (C) (2018) 245–252.
- [19] P.E.S. Munekata, M. Pateiro, M. López-Pedrouso, M. Gagaoua, J.M. Lorenzo, Foodomics in meat quality, *Curr. Opin. Food Sci.* 38 (2021) 79–85.
- [20] M. Gu, Y. Wei, Y. Jiao, D. Zhang, Y. Liu, Insights from proteome to phosphorylated proteome: deciphering different regulatory mechanisms in goat muscles with high- and low-meat quality, *Int. J. Food Sci. Technol.* 57 (6) (2022) 3532–3543.
- [21] Z. Wang, F. He, W. Rao, N. Ni, Q. Shen, D. Zhang, Proteomic analysis of goat Longissimus dorsi muscles with different drip loss values related to meat quality traits, *Food Sci. Biotechnol.* 25 (2) (2016) 425–431.
- [22] Y. Wei, X. Li, D. Zhang, Y. Liu, Comparison of protein differences between high- and low-quality goat and bovine parts based on iTRAQ technology, *Food Chem.* 289 (2019) 240–249.
- [23] B. McGeehin, J.J. Sheridan, F. Butler, Factors affecting the pH decline in lamb after slaughter, *Meat Sci.* 58 (1) (2001) 79–84.
- [24] M. Gagaoua, E.M.C. Terlouw, D. Micol, A. Boudjellal, J.F. Hocquette, B. Picard, Understanding early post-mortem biochemical processes underlying meat color and pH decline in the longissimus thoracis muscle of young blond d'Aquitaine bulls using protein biomarkers, *J. Agric. Food Chem.* 63 (30) (2015) 6799–6809.
- [25] AMSA, AMSA Meat Color Measurement Guidelines 61820, American Meat Science Association, Champaign, Illinois USA, 2012, pp. 1–135.
- [26] R. Grau, R. Hamm, Eine einfache Methode zur Bestimmung der Wasserbindung im Muskel, *Naturwissenschaften* 40 (1) (1953) 29–30.
- [27] K. Hafid, M. Gagaoua, H.-R. Boudechicha, S.N. Rabah, F. Ziane, M. Sellama, S. Becila, A. Boudjellal, A comparison of the carcass and meat quality of ISA (F15) spent hens slaughtered at two different ages, *Am. J. Food Technol.* 11 (4) (2016) 134–142.
- [28] K.O. Honikel, R. Hamm, Measurement of water-holding capacity and juiciness, in: A.M. Pearson, T.R. Dutson (Eds.), *Quality Attributes and their Measurement in Meat, Poultry and Fish Products*, Springer, US, 1994, pp. 125–161.
- [29] R.D. Culler, F.C.P. Jr, G.C. Smith, H.R. Cross, Relationship of myofibril fragmentation index to certain chemical, physical and sensory characteristics of bovine longissimus muscle, *J. Food Sci.* 43 (4) (1978) 1177–1180.
- [30] D.L. Hopkins, P.J. Littlefield, J.M. Thompson, A research note on factors affecting the determination of myofibrillar fragmentation, *Meat Sci.* 56 (1) (2000) 19–22.
- [31] M.M. Bradford, A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding, *Anal. Biochem.* 72 (1976) 248–254.
- [32] J. Bouley, C. Chambon, B. Picard, Mapping of bovine skeletal muscle proteins using two-dimensional gel electrophoresis and mass spectrometry, *Proteomics* 4 (6) (2004) 1811–1824.
- [33] Y. Zhu, M. Gagaoua, A.M. Mullen, D. Viala, D.K. Rai, A.L. Kelly, D. Sheehan, R. M. Hamill, Shotgun proteomics for the preliminary identification of biomarkers of beef sensory tenderness, juiciness and chewiness from plasma and muscle of young Limousin-sired bulls, *Meat Sci.* 176 (2021), 108488.
- [34] M. Gagaoua, B. Picard, J. Soulat, V. Monteils, Clustering of sensory eating qualities of beef: consistencies and differences within carcass, muscle, animal characteristics and rearing factors, *Livest. Sci.* 214 (2018) 245–258.
- [35] P. Pophiwa, E.C. Webb, L. Frylinck, A review of factors affecting goat meat quality and mitigating strategies, *Small Rumin. Res.* 183 (2020), 106035.
- [36] E.C. Webb, N.H. Casey, L. Simela, Goat meat quality, *Small Rumin. Res.* 60 (1) (2005) 153–166.
- [37] D.D. Johnson, C.H. McGowan, G. Nurse, M.R. Anous, Breed type and sex effects on carcass traits, composition and tenderness of young goats, *Small Rumin. Res.* 17 (1) (1995) 57–63.
- [38] K. Jacques, F.B. Norwood, Consumer preference for goat meat in a blind sensory analysis, *Sheep Goat Res. J.* 32 (2017) 28–35.
- [39] I.T. Kadim, O. Mahgoub, D.S. Al-Ajmi, R.S. Al-Maqbaly, N.M. Al-Saqri, A. Ritchie, An evaluation of the growth, carcass and meat quality characteristics of Omani goat breeds, *Meat Sci.* 66 (1) (2004) 203–210.
- [40] M.S. Madruga, T.S. Torres, F.F. Carvalho, R.C. Queiroga, N. Narain, D. Garrutti, M.A. Souza Neto, C.W. Mattos, R.G. Costa, Meat quality of Moxotó and Canindé goats as affected by two levels of feeding, *Meat Sci.* 80 (4) (2008) 1019–1023.
- [41] M. Borgogno, M. Corazzin, E. Saccà, S. Bovolenta, E. Piasentier, Influence of familiarity with goat meat on liking and preference for capretto and chevon, *Meat Sci.* 106 (2015) 69–77.
- [42] A. Bakhsb, I. Ismail, Y.H. Hwang, J.G. Lee, S.T. Joo, Comparison of blood loss and meat quality characteristics in Korean black goat subjected to head-only electrical stunning or without stunning, *Korean J. Food Sci. Anim. Resour.* 38 (6) (2018) 1286–1293.
- [43] J. Hughes, F.M. Clarke, P. Purslow, R.D. Warner, Meat color is determined not only by chromatic heme pigments but also by the physical structure and achromatic light scattering properties of the muscle, *Compr. Rev. Food Sci. Food Saf.* 19 (1) (2020) 44–63.
- [44] G.R. O'Halloran, D.J. Troy, D.J. Buckley, The relationship between early post-mortem pH and the tenderisation of beef muscles, *Meat Sci.* 45 (2) (1997) 239–251.
- [45] G.R. O'Halloran, D.J. Troy, D.J. Buckley, W.J. Reville, The role of endogenous proteases in the tenderisation of fast glycolysing muscle, *Meat Sci.* 47 (3) (1997) 187–210.
- [46] B. Kouakou, S. Gelaye, G. Kannan, T.D. Pringle, E.A. Amoah, Blood metabolites, meat quality and muscle calpain-calpastatin activities in goats treated with low doses of recombinant bovine somatotropin, *Small Rumin. Res.* 57 (2) (2005) 203–212.
- [47] G. Kannan, K.M. Gadiyaram, S. Galipalli, A. Carmichael, B. Kouakou, T. D. Pringle, K.W. McMillin, S. Gelaye, Meat quality in goats as influenced by dietary protein and energy levels, and postmortem aging, *Small Rumin. Res.* 61 (1) (2006) 45–52.
- [48] M. Abril, M.M. Campo, A. Öneç, C. Sañudo, P. Albertí, A.I. Negueruela, Beef colour evolution as a function of ultimate pH, *Meat Sci.* 58 (1) (2001) 69–78.
- [49] S.A. Babiker, I.A. El Khider, S.A. Shafie, Chemical composition and quality attributes of goat meat and lamb, *Meat Sci.* 28 (4) (1990) 273–277.
- [50] Y.H.B. Kim, R.D. Warner, K. Rosenfeld, Influence of high pre-rigor temperature and fast pH fall on muscle proteins and meat quality: a review, *Anim. Prod. Sci.* 54 (4) (2014) 375–395.
- [51] E. Huff-Lonergan, S.M. Lonergan, Mechanisms of water-holding capacity of meat: the role of postmortem biochemical and structural changes, *Meat Sci.* 71 (1) (2005) 194–204.
- [52] L. Kristensen, P.P. Purslow, The effect of ageing on the water-holding capacity of pork: role of cytoskeletal proteins, *Meat Sci.* 58 (1) (2001) 17–23.
- [53] G.R. Trout, Techniques for measuring water-binding capacity in muscle foods—a review of methodology, *Meat Sci.* 23 (4) (1988) 235–252.
- [54] E.M. England, T.L. Scheffler, S.C. Kasten, S.K. Matarnah, D.E. Gerrard, Exploring the unknowns involved in the transformation of muscle to meat, *Meat Sci.* 95 (4) (2013) 837–843.
- [55] D.L. Hopkins, P. Ertbjerg, Chapter 12 - The eating quality of meat: II—Tenderness, in: F. Toldrá (Ed.), *Lawrie's Meat Science*, Ninth edition, Woodhead Publishing, 2023, pp. 393–420.
- [56] A. Lana, L. Zolla, Proteolysis in meat tenderization from the point of view of each single protein: a proteomic perspective, *J. Proteome* 147 (2016) 85–97.
- [57] E. Huff-Lonergan, W. Zhang, S.M. Lonergan, Biochemistry of postmortem muscle - lessons on mechanisms of meat tenderization, *Meat Sci.* 86 (1) (2010) 184–195.
- [58] C.M. Kemp, P.L. Sensky, R.G. Bardsley, P.J. Buttery, T. Parr, Tenderness—an enzymatic view, *Meat Sci.* 84 (2) (2010) 248–256.
- [59] P. Ertbjerg, Chapter 5 - Current understanding on the role of proteolysis on meat quality, in: P. Purslow (Ed.), *New Aspects of Meat Quality*, Second edition, Woodhead Publishing, 2022, pp. 95–114.
- [60] B. Picard, M. Gagaoua, Muscle Fiber properties in cattle and their relationships with meat qualities: an overview, *J. Agric. Food Chem.* 68 (22) (2020) 6021–6039.
- [61] A. Ouali, Meat tenderization: possible causes and mechanisms. A review, *J. Muscle Foods* 1 (2) (1990) 129–165.
- [62] G. Faulkner, G. Lanfranchi, G. Valle, Telethonin and other new proteins of the Z-disc of skeletal muscle, *IUBMB Life* 51 (5) (2001) 275–282.
- [63] R.G. Taylor, G.H. Geesink, V.F. Thompson, M. Koohmaraie, D.E. Goll, Is Z-disk degradation responsible for postmortem tenderization? *J. Anim. Sci.* 73 (5) (1995) 1351–1367.
- [64] S.G. Bjarnadóttir, K. Hollung, E.M. Faergestad, E. Veiseth-Kent, Proteome changes in bovine longissimus thoracis muscle during the first 48 h postmortem: shifts in energy status and myofibrillar stability, *J. Agric. Food Chem.* 58 (12) (2010) 7408–7414.
- [65] C. Zhai, B.A. Djimsa, J.E. Prenni, D.R. Woerner, K.E. Belk, M.N. Nair, Tandem mass tag labeling to characterize muscle-specific proteome changes in beef during early postmortem period, *J. Proteome* 222 (2020), 103794.
- [66] B. Minjarez, K.G. Calderón-González, M.L. Valero Rustarazo, M.E. Herrera-Aguirre, M.L. Labra-Barrios, D.E. Rincon-Limas, M.M. Sánchez del Pino, R. Mena, J.P. Luna-Arias, Data set of interactions and metabolic pathways of proteins differentially expressed in brains with Alzheimer's disease, *Data in Brief* 7 (2016) 1707–1719.
- [67] G.-D. Kim, J.-Y. Jeong, H.-S. Yang, S.-J. Hur, Differential abundance of proteome associated with intramuscular variation of meat quality in porcine longissimus thoracis et lumborum muscle, *Meat Sci.* 149 (2019) 85–95.
- [68] X. Jia, M. Ekman, H. Grove, E.M. Faergestad, L. Aass, K.I. Hildrum, K. Hollung, Proteome changes in bovine longissimus thoracis muscle during the early postmortem storage period, *J. Proteome Res.* 6 (7) (2007) 2720–2731.
- [69] X. Jia, K.I. Hildrum, F. Westad, E. Kummén, L. Aass, K. Hollung, Changes in enzymes associated with energy metabolism during the early post mortem period in longissimus thoracis bovine muscle analyzed by proteomics, *J. Proteome Res.* 5 (7) (2006) 1763–1769.
- [70] A. Della Malva, A. Santillo, A. Priolo, R. Marino, M.G. Ciliberti, A. Sevi, M. Albenzio, Effect of hazelnut skin by-product supplementation in lambs' diets: implications on plasma and muscle proteomes and first insights on the underlying mechanisms, *J. Proteome* 271 (2023), 104757.
- [71] M. Gagaoua, J. Hughes, E.M.C. Terlouw, R.D. Warner, P.P. Purslow, J.M. Lorenzo, B. Picard, Proteomic biomarkers of beef colour, *Trends Food Sci. Technol.* 101 (2020) 234–252.
- [72] W. Baldassini, M. Gagaoua, B. Santiago, L. Rocha, J. Torrecilhas, R. Torres, R. Curi, O.M. Neto, P. Padilha, F. Santos, D.P. Lanna, L.A. Chardulo, Meat quality and muscle tissue proteome of crossbred bulls finished under feedlot using wet distiller grains by-product, *Foods* 11 (20) (2022) 3233.

- [73] A. Della Malva, A. Maggiolino, P. De Palo, M. Albenzio, J.M. Lorenzo, A. Sevi, R. Marino, Proteomic analysis to understand the relationship between the sarcoplasmic protein patterns and meat organoleptic characteristics in different horse muscles during aging, *Meat Sci.* 184 (2022), 108686.
- [74] L. Zhang, R. Liu, Y. Cheng, L. Xing, G. Zhou, W. Zhang, Effects of protein S-nitrosylation on the glycogen metabolism in postmortem pork, *Food Chem.* 272 (2019) 613–618.
- [75] M.J. Anderson, S.M. Lonergan, E. Huff-Lonergan, Differences in phosphorylation of phosphoglucosylase 1 in beef steaks from the longissimus dorsi with high or low star probe values, *Meat Sci.* 96 (1) (2014) 379–384.
- [76] D.J. Pulford, S. Fraga Vazquez, D.F. Frost, E. Fraser-Smith, P. Dobbie, K. Rosenfold, The intracellular distribution of small heat shock proteins in post-mortem beef is determined by ultimate pH, *Meat Sci.* 79 (4) (2008) 623–630.
- [77] Z. Ding, F. Huang, C. Zhang, L. Zhang, H. Sun, H. Zhang, Effect of heat shock protein 27 on the in vitro degradation of myofibrils by caspase-3 and μ -calpain, *Int. J. Food Sci. Technol.* 53 (1) (2018) 121–128.
- [78] B. Picard, M. Gagaoua, D. Micol, I. Cassar-Malek, J.F. Hocquette, C.E. Terlouw, Inverse relationships between biomarkers and beef tenderness according to contractile and metabolic properties of the muscle, *J. Agric. Food Chem.* 62 (40) (2014) 9808–9818.
- [79] E.M.C. Terlouw, B. Picard, V. Deiss, C. Berri, J.-F. Hocquette, B. Lebreton, F. Lefèvre, R. Hamill, M. Gagaoua, Understanding the determination of meat quality using biochemical characteristics of the muscle: stress at slaughter and other missing keys, *Foods* 10 (1) (2021) 84.
- [80] F. Stricher, C. Macri, M. Ruff, S. Muller, HSPA8/HSC70 chaperone protein, *Autophagy* 9 (12) (2013) 1937–1954.
- [81] E.C. Webb, Goat meat production, composition, and quality, *Anim. Front.* 4 (4) (2014) 33–37.
- [82] M.J. Anderson, S.M. Lonergan, C.A. Fedler, K.J. Prusa, J.M. Binning, E. Huff-Lonergan, Profile of biochemical traits influencing tenderness of muscles from the beef round, *Meat Sci.* 91 (3) (2012) 247–254.
- [83] B. Picard, M. Gagaoua, Chapter 11 - proteomic investigations of beef tenderness, in: M.L. Colgrave (Ed.), *Proteomics in Food Science: From Farm to Fork*, Academic Press, London, 2017, pp. 177–197.
- [84] T. Cramer, M.L. Penick, J.N. Waddell, C.A. Bidwell, Y.H.B. Kim, A new insight into meat toughness of callipyge lamb loins - the relevance of anti-apoptotic systems to decreased proteolysis, *Meat Sci.* 140 (2018) 66–71.
- [85] M.L. Sottile, S.B. Nadin, Heat shock proteins and DNA repair mechanisms: an updated overview, *Cell Stress Chaperones* 23 (3) (2018) 303–315.
- [86] A.J. Rose, B. Bisiani, B. Vistisen, B. Kiens, E.A. Richter, Skeletal muscle eEF2 and 4EBP1 phosphorylation during endurance exercise is dependent on intensity and muscle fiber type, *Am. J. Phys. Regul. Integr. Comp. Phys.* 296 (2) (2009) R326–R333.
- [87] B. Sinha, D. Köster, R. Ruez, P. Gonnord, M. Bastiani, D. Abankwa, R.V. Stan, G. Butler-Browne, B. Vedie, L. Johannes, N. Morone, R.G. Parton, G. Raposo, P. Sens, C. Lamaze, P. Nassouy, Cells respond to mechanical stress by rapid disassembly of Caveolae, *Cell* 144 (3) (2011) 402–413.
- [88] E. Huff-Lonergan, S.M. Lonergan, New frontiers in understanding drip loss in pork: recent insights on the role of postmortem muscle biochemistry, *J. Anim. Breed. Genet.* 124 (s1) (2007) 19–26.
- [89] B. Bernevic, B.A. Petre, D. Galetskiy, C. Werner, M. Wicke, K. Schellander, M. Przybylski, Degradation and oxidation postmortem of myofibrillar proteins in porcine skeleton muscle revealed by high resolution mass spectrometric proteome analysis, *Int. J. Mass Spectrom.* 305 (2) (2011) 217–227.
- [90] M. Gagaoua, E.M.C. Terlouw, B. Picard, The study of protein biomarkers to understand the biochemical processes underlying beef color development in young bulls, *Meat Sci.* 134 (2017) 18–27.
- [91] M. Gagaoua, C. Terlouw, I. Richardson, J.F. Hocquette, B. Picard, The associations between proteomic biomarkers and beef tenderness depend on the end-point cooking temperature, the country origin of the panelists and breed, *Meat Sci.* 157 (C) (2019), 107871.
- [92] M. Zhang, D. Wang, X. Xu, W. Xu, Comparative proteomic analysis of proteins associated with water holding capacity in goose muscles, *Food Res. Int.* 116 (2019) 354–361.
- [93] J. Yu, S. Tang, E. Bao, M. Zhang, Q. Hao, Z. Yue, The effect of transportation on the expression of heat shock proteins and meat quality of *M. longissimus dorsi* in pigs, *Meat Sci.* 83 (3) (2009) 474–478.
- [94] A. Di Luca, G. Elia, R. Hamill, A.M. Mullen, 2D DIGE proteomic analysis of early post mortem muscle exudate highlights the importance of the stress response for improved water-holding capacity of fresh pork meat, *Proteomics* 13 (9) (2013) 1528–1544.
- [95] M. Gagaoua, M. Bonnet, L. De Koning, B. Picard, Reverse Phase Protein array for the quantification and validation of protein biomarkers of beef qualities: the case of meat color from Charolais breed, *Meat Sci.* 145 (2018) 308–319.
- [96] M. Wu, H. Li, J. He, J. Liang, Y. Liu, W. Zhang, TRIM72 alleviates muscle inflammation in mdx mice via promoting mitophagy-mediated NLRP3 inflammasome inactivation, *Oxidative Med. Cell. Longev.* 2023 (2023) 8408574.
- [97] C. Cai, H. Masumiya, N. Weisleder, N. Matsuda, M. Nishi, M. Hwang, J.-K. Ko, P. Lin, A. Thornton, X. Zhao, Z. Pan, S. Komazaki, M. Brotto, H. Takeshima, J. Ma, MG53 nucleates assembly of cell membrane repair machinery, *Nat. Cell Biol.* 11 (1) (2009) 56–64.
- [98] X. Wang, G. Zhou, X. Xu, R. Geng, J. Zhou, Y. Yang, Z. Yang, Y. Chen, Transcriptome profile analysis of adipose tissues from fat and short-tailed sheep, *Gene* 549 (2) (2014) 252–257.
- [99] M. López-Pedrouso, J.M. Lorenzo, A. Cittadini, M.V. Sarries, M. Gagaoua, D. Franco, A proteomic approach to identify biomarkers of foal meat quality: a focus on tenderness, color and intramuscular fat traits, *Food Chem.* 405 (2023), 134805.
- [100] M. Gagaoua, K. Hafid, Y. Boudida, S. Becila, A. Ouali, B. Picard, A. Boudjellal, M. A. Sentandreu, Caspases and thrombin activity regulation by specific serpin inhibitors in bovine skeletal muscle, *Appl. Biochem. Biotechnol.* 177 (2) (2015) 279–303.
- [101] B. Picard, M. Gagaoua, K. Hollung, Chapter 12 - Gene and Protein Expression as a Tool to Explain/Predict Meat (and Fish) Quality, in: P. Purslow (Ed.), *New Aspects of Meat Quality : From Genes to Ethics*, Woodhead Publishing, United Kingdom, 2017, pp. 321–354.

First insights into the dynamic protein changes in goat *Semitendinosus* muscle during the post-mortem period using high-throughput proteomics

Melisa Lamri, Antonella della Malva, Djamel Djenane, Marzia Albenzio & Mohammed Gagaoua

Publié dans *Meat Science*, 202 (2023) 109207

<https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2023.109207>

Résumé

La protéomique joue un rôle clé dans la recherche sur la viande à l'ère post-génomique. Cette étude a pour but de dévoiler, à l'aide d'une approche protéomique de type shotgun, les changements dynamiques temporels dans le protéome post-mortem précoce du muscle *Semitendinosus* de chèvre. L'évolution et la comparaison du protéome musculaire au cours de trois périodes post-mortem (1, 8 et 24 heures) ont été évaluées. Le profilage protéomique temporel a quantifié 748 protéines, dont 174 étaient différentiellement abondantes : n = 55 entre 1h et 8h ; n = 52 entre 8h et 24h et n = 154 entre 1h et 24h. Les protéines différentiellement abondantes appartiennent à une myriade de voies interconnectées. La liaison, le transport et l'homéostasie du calcium, ainsi que la contraction et la structure musculaires avaient une contribution équivalente au cours de la période post-mortem, ce qui démontre leur rôle central. La catalyse, le métabolisme et les processus métaboliques de l'ATP, ainsi que la protéolyse étaient des voies actives dès les premières heures de la mort de l'animal. À l'inverse, le stress oxydatif, la réponse à l'hypoxie et l'homéostasie redox de la cellule, ainsi que les chaperons et protéines de choc thermique représentaient une grande partie des processus biochimiques, et ce de manière plus importante après 8 heures post-mortem. Dans l'ensemble, la transformation du muscle en viande est largement orchestrée par la production d'énergie ainsi que par le métabolisme et l'homéostasie mitochondriaux par le biais de la régulation du calcium et de la transition de perméabilité mitochondriale. L'étude a également mis en évidence le rôle des protéines ribosomiques dans le muscle post-mortem de chèvre, ce qui signifie que plusieurs protéines subissant des changements au cours du stockage subissent également des modifications d'épissage, ce qui est par exemple un mécanisme connu pour les protéines mitochondriales. Dans l'ensemble, le profilage protéomique temporel du protéome musculaire post-mortem précoce offre une vue inégalée des événements biochimiques et protéolytiques post-mortem complexes associés à la transformation du muscle en viande et le développement de la qualité de la viande de chèvre.

Mots-clés : Protéome du muscle de chèvre ; Attendrissement de la viande ; Processus biologiques ; Structure musculaire ; Métabolisme énergétique ; Apoptose, Stress oxydatif ; Biomarqueurs.



First insights into the dynamic protein changes in goat *Semitendinosus* muscle during the *post-mortem* period using high-throughput proteomics

Melisa Lamri^a, Antonella della Malva^b, Djamel Djenane^a, Marzia Albenzio^b, Mohammed Gagaoua^{c,*}

^a Laboratoire de Qualité et Sécurité des Aliments, Université Mouloud Mammeri, Tizi-Ouzou 15000, Algeria

^b Department of Agriculture, Food, Natural Resources and Engineering (DAFNE), University of Foggia, 71121 Foggia, Italy

^c PEGASE, INRAE, Institut Agro, 35590 Saint-Gilles, France

ARTICLE INFO

Keywords:

Goat muscle proteome
Meat tenderization
Biological processes
Muscle structure
Energy metabolism
Apoptosis
Oxidative stress
Biomarkers
Proteasome
Ribosomal proteins

ABSTRACT

Proteomics plays a key and insightful role in meat research in the post-genomic era. This study aimed to unveil using a shotgun proteomics approach the temporal dynamic changes in early post-mortem proteome of goat *Semitendinosus* muscle. Therefore, the evolution and comparison of the muscle proteome over three post-mortem times (1, 8, and 24 h) was assessed. The temporal proteomics profiling quantified 748 proteins, from which 174 were differentially abundant (DAPs): $n = 55$ between 1 h *versus* 8 h, $n = 52$ between 8 h *versus* 24 h, and $n = 154$ between 1 h *versus* 24 h. The DAPs belong to myriad interconnected pathways. Binding, transport and calcium homeostasis, as well as muscle contraction and structure, exhibited an equivalent contribution during post-mortem, demonstrating their central role. Catalytic, metabolism and ATP metabolic process, and proteolysis were active pathways from the first hours of animal bleeding. Conversely, oxidative stress, response to hypoxia and cell redox homeostasis along chaperones and heat shock proteins accounted for the large proportion of the biochemical processes, more importantly after 8 h post-mortem. Overall, the conversion of muscle into meat is largely orchestrated by energy production as well as mitochondrial metabolism and homeostasis through calcium and permeability transition regulation. The study further evidenced the role of ribosomal proteins in goat post-mortem muscle, signifying that several proteins experiencing changes during storage, also undergo splicing modifications, which is for instance a mechanism known for mitochondrial proteins. Overall, temporal proteomics profiling of early post-mortem muscle proteome offers an unparalleled view of the sophisticated post-mortem biochemical and proteolytic events associated with goat meat quality determination.

1. Introduction

The conversion of muscle into meat, also known as meat tenderization, is a complex process involving a combination of a sophisticated cascade of biochemical, energetic, and physical events occurring during cold storage of carcasses and during retail/display of meat cuts (Hopkins & Ertbjerg, 2023; Ouali et al., 2013). The study of the underlying mechanisms behind the tenderization phases of meat has fascinated researchers for the past decades (Hopkins & Geesink, 2009; Hopkins & Thompson, 2001; Ouali, 1990; Purslow, Gagaoua, & Warner, 2021; Wicks et al., 2022), who ascribed such mechanisms to be partly related to the endogenous proteolytic systems (proteolysis) through the modifications they induce in the muscle structure, thereby playing key roles in the determination of the final meat quality (Kemp, Sensky, Bardsley,

Buttery, & Parr, 2010; Matarneh, Scheffler, & Gerrard, 2023; Ouali et al., 2013). In fact, the changes during the post-mortem period in both the structure and status of muscle proteins along with their spatial arrangements due to the physico-chemical and enzymatic reactions are pivotal events defining the development of meat quality traits (Gagaoua et al., 2022; Hughes, Oiseth, Purslow, & Warner, 2014). However, our knowledge is still very limited, especially for some species such as goat, and several aspects of the meat tenderization phases, even in other species, concerning the interplay between apoptosis and autophagy, are not yet fully elucidated.

Because of the importance of the conversion of muscle into meat at the onset of the animal's death, there is significant interest in developing strategies to decipher and thoroughly characterize such events with the goal of reducing variability and consistently improving the overall

* Corresponding author.

E-mail address: mohammed.gagaoua@inrae.fr (M. Gagaoua).

<https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2023.109207>

Received 13 February 2023; Received in revised form 2 April 2023; Accepted 26 April 2023

Available online 29 April 2023

0309-1740/© 2023 Elsevier Ltd. All rights reserved.

eating quality of meat. Therefore, the application of high-throughput sequencing methods in the frame of foodomics has been used extensively nowadays and has allowed, over the last two decades, to reveal the involvement of several molecular signatures (Gagaoua et al., 2021), thereby leading to a better understanding of the mechanisms that govern the determination of several meat quality traits (D'Alessandro & Zolla, 2013; della Malva et al., 2022; Munekata, Pateiro, López-Pedrouso, Gagaoua, & Lorenzo, 2021; Purslow et al., 2021). With the omics technological developments and the emergence of several computational and statistical tools and models, proteomics has evolved rapidly over the past decades. Further, it was hugely adopted by meat scientists and allowed an in-depth understanding of the current and emerging meat research questions namely in deciphering the unknowns related to the conversion of muscle into meat and for the discovery of biomarkers (Gagaoua & Picard, 2022; Gagaoua, Schilling, Zhang, & Suman, 2022). Indeed, proteins form a fundamental part of muscle structure and participate in all cellular reactions, with substantial dynamic changes occurring since the first minutes post-slaughter (Jia et al., 2007; Jia, Hollung, Therkildsen, Hildrum, & Bendixen, 2006). The dynamic changes of proteins could regulate muscle functions like enzyme activity, protein stability and degradation, and even muscle contraction, all of which are involved in post-mortem changes in muscle and meat quality determination (D'Alessandro & Zolla, 2013; Ouali et al., 2013). Thus, the application of proteomics is a great way to unravel the huge complexity of the muscle proteomes (or sub-proteomes) by the analyses of the complete or partial set of proteins present in muscle, their structure, expression, modifications along the interactions with other molecules (López-Pedrouso, Lorenzo, Gagaoua, & Franco, 2020; Munekata et al., 2021; Picard & Gagaoua, 2020; Purslow et al., 2021; Sierra et al., 2021). For example, proteomics was successfully used to propose explanatory mechanisms at the origin of the variability of different eating qualities of meat from many species and also to propose biological markers (della Malva et al., 2022; Gagaoua, Bonnet, Ellies-Oury, De Koning, & Picard, 2018; Gagaoua, Terlouw, et al., 2021; Gagaoua, Troy, & Mullen, 2021; Munekata et al., 2021; Sierra et al., 2021). However, to the best of our knowledge, no study has yet examined the dynamic changes occurring in the early post-mortem muscle proteome of goat meat. Thus, this study aimed for the first time to decipher those changes in the *Semitendinosus* muscle of Saanen x *Naine de Kabylie* crossbred goats raised in an extensive system in the Kabylia Mountains (North of Algeria). *Naine de Kabylie* breed is an indigenous goat that is mainly found in the Kabylia Mountains and generally raised for the production of meat which is appreciated by the consumers (Lamri, Djenane, & Gagaoua, 2022). It is characterized as robust and of small size: 65 ± 2 cm for the males and 62 ± 2 cm for the females, with respective weights of 60 ± 3 kg and 47 ± 2.5 kg. The body of *Naine de Kabylie* breed is elongated with a straight and rectilinear top, the head is thin and carries horns directed towards the back, the color of the dress is variable, but the dominant colors are: white, red, beige, red piebald and black. Its ears are small and pointed for the subjects with white coat, and medium long for the subjects with beige coat. This study also aims to reveal, through label-free shotgun proteomics and bioinformatics approaches, the molecular signatures underlying the conversion of muscle into meat and the key interacting protein biomarkers.

2. Materials and methods

2.1. Goats and slaughtering procedure

All the experimental procedures used in this trial were in compliance with the Algerian guidelines for the care and use of animals. The animal study protocol was approved by the Ethics Committee of the Université Mouloud Mammeri, Tizi-Ouzou (Algeria) as previously described (Lamri et al., 2023). The experiment included eight young male goats of the Saanen x *Naine de Kabylie* crossbred from the same farm and were selected from a larger experiment based on similar body weight ($25 \pm$

0.8 kg), age at slaughter (240 ± 8 days), and all slaughtered on the same day under equivalent slaughtering conditions according to industrial and cultural practices (Lamri et al., 2023). The goats were reared under traditional and extensive production systems in the Kabylia Mountains (North of Algeria). Before slaughter, the animals were transported one day before to the abattoir and kept overnight without feeds but with free access to water. In order to avoid the seasonal effect, the animals were from the batch slaughtered in March. The animals were humanely slaughtered in the same slaughterhouse in the Kabylia region, in compliance with the Halal slaughter method (based on Islamic legislation). In this type of slaughter, the goats were not stunned. The animals were dressed following routine commercial slaughterhouse procedures. After exsanguination, the carcasses were split into two equal halves along the vertebrate column. The carcasses were kept under standard chilling conditions (4 ± 2 °C).

2.2. *Semitendinosus* muscle sampling

Semitendinosus (ST) muscle samples from the distal part were collected from a random side of each goat carcass, at three different time points. The initial samples were taken within 1 h post-mortem and the two others from the same cuts and carcasses (fully randomized between the left and right) kept in a chilling room at 4 ± 1 °C were taken at 8 h and 24 h post-mortem for a total of 24 biopsy samples. An approximate 10 g for the biochemistry and proteomics analyses were removed, chopped into small pieces using sterile scalpels, snap-frozen in liquid nitrogen and stored at -80 °C until the extraction of muscle proteins.

2.3. Profiling and characterization of goat *Semitendinosus* muscle using shotgun proteomics

2.3.1. Muscle protein extraction and quantification

The 24 individual goat muscle samples stored at -80 °C were analyzed the same day and under the same conditions of buffer and extraction protocol to recover the total muscle proteins (*i.e.*, both sarcoplasmic and myofibrillar proteins) following previous procedures (Bouley, Chambon, & Picard, 2004; Gagaoua, Troy, & Mullen, 2021). Briefly, 150 mg of the samples from each individual and post-mortem time (1, 8, and 24 h), firstly randomized to double-blind for the sampling time, were mixed with 3 mL of fresh buffer containing 2 M thiourea, 1.2% DL-dithiothreitol, 8 M urea, 1% Pharmalyte 3–10 (GE Healthcare, Uppsala, Sweden) and 2% CHAPS. The samples and protein homogenates were handled during the entire extraction process in wet-ice and incubated at 4 °C for 15 min before homogenization using a Polytron homogenizer (model PT2100, Kinematica AG, Littan/Luzern, Switzerland) at 20,000 rpm for 45 s. Afterwards, the homogenates were kept once again in wet-ice and shaken for 25 min before centrifugation at 10,000 xg at 4 °C to remove insoluble proteins, connective tissue, fat and other debris. The supernatant was then collected in Eppendorf tubes and stored at -80 °C for further analyses in terms of protein quantification, SDS-PAGE analyses and proteome profiling and characterization.

The quantification of the total proteins, in triplicate, was performed using the Bio-Rad protein assay kit (Bio-Rad Laboratories, Hercules, CA, USA) based on the Bradford method (Bradford, 1976). Serum albumin from bovine (BSA) was used as a standard at a concentration of 1 mg/mL.

2.3.2. Protein bands preparation for shotgun proteomics using one-dimensional SDS-PAGE electrophoresis

To gather all the protein extracts in one tiny band before shotgun proteomics (Zhu et al., 2021), the muscle protein extracts were first denatured by mixing at 1.0:1.0 (v/v) with a standard Laemmli sample buffer 2x concentrate (#S3401, Sigma-Aldrich, St. Louis, USA) containing 125 mM Tris (pH 6.8), 20% v/v glycerol, 4% w/v SDS, 10% v/v β -mercaptoethanol and 0.004% bromophenol blue. Then, the samples were vortexed and incubated at room temperature for 5 min before

heating at 90 °C for 10 min using a standard block heater (VWR, International). The denatured proteins (40 µg for a final volume of 20 µL) were subsequently loaded into standard 12% resolving and 4% stacking gels of sodium dodecyl sulfate polyacrylamide gel electrophoresis (SDS-PAGE) using a Mini-PROTEAN Tetra Cell system (Bio-Rad Laboratories, Hercules, CA, USA) at 4 watts during 15 min to concentrate the proteins in one tiny band in the stacking gel. A TGS running buffer (#T7777, Sigma-Aldrich, Saint Louis, USA), containing 25 mM Tris (pH 8.6), 192 mM glycine and 0.1% SDS was used. Afterwards, the gels were washed several times with Milli-Q water, stained with EZ Blue Gel staining reagent (Sigma-Aldrich, Saint Louis, USA) for around 10 min, and subjected to several other washes with Milli-Q water under gentle shaking. The protein bands from each animal were excised from the washed gels using sterile and disposable scalpels, immediately placed into sterile Eppendorf tubes to be reduced, alkylated, destained and dried, before liquid chromatography-tandem mass spectrometry (LC-MS/MS) analyses (Gagaoua, Troy, & Mullen, 2021; Picard et al., 2016).

2.3.3. LC-MS/MS analysis, protein identification and preparation of the proteome database

Before LC-MS/MS, the dried protein bands stored at –20 °C were first digested by a sequence grade Trypsin (Promega, USA) following the conditions previously described (Zhu, Gagaoua, Mullen, Kelly, et al., 2021). The samples were analyzed by means of a Dionex UltiMate 3000 system (nanoelectrospray ion source) coupled to a Q Exactive™ HF-X hybrid Quadrupole-Orbitrap mass spectrometer (Thermo Fisher Scientific). A C18 column was used to desalt the peptide fractions before LC-MS/MS analysis according to the manufacturer's instructions. The peptides were loaded with C18 PepMap trap column (Thermo Fisher Scientific) and washed with pure water (98%), acetonitrile (ACN, 2%) and formic acid (0.01%) with a flow rate of 10 µL/min. After 6 min, the trap column underwent reversed-phase high-performance liquid chromatography (RP-HPLC) using an EASY nLC self-filling column (Thermo Fisher Scientific, Germany). Mobile phase A of the reversed-phase HPLC consisted of 0.1% formic acid in pure water, and mobile phase B consisted of 95% ACN acetonitrile with 0.1% formic acid. The peptides were separated using a 40-min gradient method at a flow rate of 300 nL/min. The peak identification of the peptides and raw files of LC-MS/MS were screened and aligned against the *Capra hircus* (goat) database (UP000291000, 32,609 sequences). The digestive enzyme was set to trypsin to search for the mass spectrometry data in the retrieval database. The maximum missing cleavage sites were set to 2, and the tolerances of precursor ions and fragment ions were 5 ppm and 0.02 Da, respectively. The aminomethylation of cysteine was a fixed modification, and acetylation of the protein N-terminal and lysine and methionine oxidation were variable modifications. The database search results were screened and exported when the false discovery rate (FDR) of the peptide spectrum and protein match level was <1%.

2.4. Statistical analyses

The screening criteria for both the proteins and peptides were set at >99% confidence at an FDR ≤ 1%. Then, the proteome data were processed after log₂-transformation and Pareto-scaling of the data peak intensities using R software. Values with a coefficient of variation <0.2 and Z-scores centralized and missing values were normally distributed. The missing values were computed using k-nearest neighbors based on similar features (KNN feature-wise) as previously described (Stacklies, Redestig, Scholz, Walther, & Selbig, 2007). The volcano plots were carried out to identify the differentially abundant proteins (DAPs) during the early post-mortem times in the goat *Semitendinosus* muscle proteome using three pairwise comparisons: 1 h versus 8 h, 8 h versus 24 h, and 1 h versus 24 h. For each comparison, the volcano plots were constructed to analyze the DAPs having fold change of 1.5 and $P < 0.05$ with a Benjamini–Hochberg FDR correction set at $P < 0.01$. The common changing proteins within the three comparisons were further projected

in a Principal Component Analysis (PCA) to investigate their suitability to discriminate the three post-mortem times (Gagaoua, Bonnet, De Koning, & Picard, 2018). The software XLSTAT 2021 1.2.2. (Addinsoft SARL, Paris, France) was used for PCA analysis based on Z-scores. Furthermore, Sparse Partial Least Squares-Discriminant Analysis (sPLS-DA) was run using the full proteome database to identify putative biomarkers of ageing allowing the classification and discrimination of the three post-mortem times (Lê Cao, Boitard, & Besse, 2011). Variable importance in projection (VIP) was calculated and the top 20 proteins allowing the separation in the sPLS-DA model are retained and compared to the list of DAPs.

2.5. Bioinformatics analyses

For bioinformatics, several analyses were performed (Kiyimba, Gagaoua, Suman, Mafi, & Ramanathan, 2022). First, the protein-protein interactions (PPI) between the DAPs proteins for each of the three conditions were analyzed using the STRING database v11.0 (<https://string-db.org/>) to build protein networks. The confidence interval and FDR stringency were receptively set at 0.5 and 1.0 (high percent), in order to obtain as many representative significant features and interactions. For each PPI, the DAPs were categorized into eight molecular functions using manual annotation as previously described (Gagaoua et al., 2021). Second, the enrichment analysis of the pathways was investigated using Metascape®, an open-source webservice tool (<https://metascape.org/>). Thus the enriched Gene Ontology (GO) terms were investigated for the three DAPs proteins lists or all the changing proteins taken together. We further investigated the overlap and functional connections among the three DAPs protein lists based on a Circos plot and comparison of the enriched GO terms among the 3 different time comparisons by means of hierarchical heatmap clustering. A network based on GO enriched terms has been generated with a cut-off criterion set at a minimum count of 3 gene entries, an enrichment factor > 1.5, and a P -value <0.01. Hierarchical heatmap clustering was constructed using the DAPs between 1 and 24 h post-mortem within the up- and down-regulated proteins at 1 h post-mortem.

3. Results

The shotgun proteomics allowed quantifying 748 proteins at an FDR of 1%, a minimum of 3 count peptides for each protein and less than 3% missing data as filtering criteria in the goat *Semitendinosus* muscle proteome in the 24 samples. The statistical comparisons identified a total of 174 proteins as differentially abundant across the three post-mortem times (1, 8, and 24 h); detailed information on the DAPs are depicted in Table 1. The DAPs were found, after manual annotation using several databases, to belong to 8 main molecular functions (Table 1), these being i) Binding, transport and calcium (Ca²⁺) homeostasis ($n = 58$); ii) Catalytic, metabolism & ATP metabolic process ($n = 30$); iii) Muscle contraction, structure and associated proteins ($n = 29$); iv) Oxidative stress, response to hypoxia & cell redox homeostasis ($n = 15$); v) Ribosomal proteins ($n = 10$); vi) Proteolysis & associated proteins ($n = 9$); vii) Chaperones and/or heat shock proteins ($n = 9$) and a group of viii) Miscellaneous proteins ($n = 14$), which grouped features playing other functions.

The pairwise comparisons by means of Volcano plots analyses allowed within the three comparisons to identify 55, 52, and 154 DAPs, for 1 h–8 h, 8 h–24 h, and 1 h–24 h, respectively (Table 1). The fold change (FC), log₂ of FC and p -values of these DAPs are depicted in Table 1. Twelve proteins (gene names) were found to be changing whatever the post-mortem time (comparison), and they are shown in bold character in Table 1. The percentages of the distribution of the 174 DAPs proteins within the eight functional pathways across the three comparisons are given in Table 2. Interestingly and whatever the comparison, the number of proteins from binding, transport and calcium homeostasis pathway is equivalent among all the comparisons (ranging

Table 1

List of the differentially abundant proteins (DABs) changing among the three early post-mortem times and organized into eight molecular functions.

| Uniprot ID | Full protein names | Gene names | Comparison 1 h–8 h | | | Comparison 1 h–24 h | | | Comparison 8 h–24 h | | |
|---|---|----------------|--------------------|-----------|---------|---------------------|-----------|---------|---------------------|-----------|---------|
| | | | FC | log2 (FC) | P-value | FC | log2 (FC) | P-value | FC | log2 (FC) | P-value |
| Binding, transport and calcium homeostasis (n = 58) | | | | | | | | | | | |
| A0A452G5B4 | FH1/FH2 domain-containing protein 1 | FHOD1 | 0.53 | −0.93 | 4.5E-05 | 0.33 | −1.58 | 4.6E-06 | 0.64 | −0.65 | 1.4E-02 |
| A0A452GBJ0 | Programmed cell death 6-interacting protein | PDCD6IP | 0.37 | −1.42 | 1.5E-04 | 0.18 | −2.46 | 2.5E-07 | 0.49 | −1.03 | 2.7E-03 |
| A0A452FAZ4 | NAD-dependent protein deacetylase sirtuin-2 | SIRT2 | 0.54 | −0.89 | 8.6E-03 | 0.36 | −1.48 | 2.2E-04 | 0.67 | −0.59 | 1.9E-02 |
| A0A452G9E1 | Phosphate carrier protein, mitochondrial | SLC25A3 | 0.41 | −1.28 | 7.3E-04 | 0.30 | −1.76 | 1.5E-04 | 0.63 | −0.66 | 4.9E-02 |
| A0A452F8U9 | ATP-binding cassette sub-family E member 1 | ABCE1 | | | | 0.33 | −1.62 | 1.7E-02 | 0.38 | −1.41 | 3.9E-02 |
| A0A452GAT4 | Aspartyl/asparaginyl beta-hydroxylase | ASPH | 0.64 | −0.64 | 1.5E-02 | 0.62 | −0.68 | 3.0E-03 | | | |
| A0A452FU58 | Sodium/potassium-transporting ATPase subunit beta-1 | ATP1B1 | 0.60 | −0.73 | 2.4E-02 | 0.46 | −1.11 | 7.6E-05 | | | |
| A0A452E1R1 | Calcium/calmodulin-dependent protein kinase type II subunit delta | CAMK2D | | | | 1.78 | 0.83 | 2.0E-03 | 1.71 | 0.77 | 3.3E-03 |
| A0A452EKU0 | Calsequestrin-2 | CASQ2 | 1.74 | 0.80 | 9.8E-03 | 2.30 | 1.20 | 1.3E-03 | | | |
| A0A452EZS5 | Quinone oxidoreductase | CRYZ | 0.65 | −0.62 | 2.5E-02 | 0.62 | −0.69 | 2.5E-02 | | | |
| A0A452DVZ8 | Cullin-3 | CUL3 | 0.56 | −0.83 | 2.8E-02 | 0.45 | −1.14 | 3.1E-03 | | | |
| A0A452FUS4 | Cullin-5 | CUL5 | | | | 0.67 | −0.59 | 4.9E-02 | 0.64 | −0.64 | 3.9E-02 |
| A0A452F311 | Decorin | DCN | | | | 0.52 | −0.94 | 1.6E-02 | 0.57 | −0.82 | 3.0E-02 |
| A0A452FF51 | Eukaryotic translation initiation factor 4H | EIF4H | | | | 0.32 | −1.64 | 3.7E-04 | 0.51 | −0.97 | 2.0E-02 |
| A0A452EST6 | Ferrochelatase, mitochondrial | FECH | | | | 0.17 | −2.55 | 1.7E-05 | 0.39 | −1.36 | 6.6E-03 |
| A0A452G129 | Vitamin D-binding protein | GC | 0.60 | −0.74 | 1.5E-02 | 0.55 | −0.85 | 1.3E-02 | | | |
| A0A452EST7 | Haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein 2 | HDHD2 | | | | 0.46 | −1.13 | 8.6E-03 | 0.53 | −0.93 | 3.1E-02 |
| A0A452G6T0 | Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein M | HNRNPM | 0.62 | −0.69 | 2.1E-02 | 0.47 | −1.10 | 1.6E-03 | | | |
| A0A452FES2 | Leucine-rich PPR motif-containing protein, mitochondrial | LRPPRC | 0.50 | −1.00 | 3.8E-02 | 0.36 | −1.49 | 4.3E-03 | | | |
| A0A452EJF0 | Microtubule-associated protein 4 | MAP4 | | | | 0.46 | −1.13 | 1.7E-03 | 0.64 | −0.65 | 1.2E-02 |
| A0A452G4H1 | Matrin-3 | MATR3 | | | | 0.43 | −1.20 | 2.2E-03 | 0.58 | −0.79 | 3.6E-02 |
| A0A452G6W6 | NSFL1 cofactor p47 | NSFL1C | | | | 0.40 | −1.31 | 2.4E-04 | 0.54 | −0.88 | 1.1E-03 |
| A0A452F9K1 | Polyadenylate-binding protein 4 | PABPC4 | | | | 0.45 | −1.16 | 4.0E-04 | 0.51 | −0.98 | 1.2E-04 |
| A0A452FXS6 | Beta-2-syntrophin | SNTB2 | 0.58 | −0.79 | 1.2E-04 | 0.43 | −1.21 | 7.1E-05 | | | |
| A0A452FXG7 | Mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM44 | TIMM44 | 0.46 | −1.11 | 3.8E-02 | 0.36 | −1.48 | 2.6E-04 | | | |
| A0A452FXM5 | Voltage-dependent anion-selective channel protein 1 | VDAC1 | 0.64 | −0.64 | 2.6E-02 | 0.49 | −1.04 | 5.2E-04 | | | |
| A0A452G5I0 | Vacuolar protein sorting-associated protein 35 | VPS35 | | | | 0.36 | −1.46 | 2.8E-02 | | | |
| A0A452G3B3 | 14–3-3 protein gamma | YWHAG | | | | 0.39 | −1.35 | 3.8E-03 | | | |
| A0A452G963 | Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha-2 | ATP1A2 | | | | 1.85 | 0.89 | 3.2E-02 | | | |
| A0A452E2F6 | Alpha-1-acid glycoprotein | AGP | | | | 0.42 | −1.25 | 5.6E-03 | | | |
| A0A452FXD0 | Sarcoplasmic/endoplasmic reticulum calcium ATPase 1 | ATP2A1 | | | | 0.64 | −0.64 | 1.4E-02 | | | |
| A0A452G1T7 | Calcium-transporting ATPase | ATP2A2 | | | | 0.39 | −1.37 | 9.4E-03 | | | |
| A0A452F8Y4 | Caveolin-1 | CAV1 | | | | 1.64 | 0.72 | 2.7E-02 | | | |
| A0A452FAV0 | Caveolae-associated protein 2 | CAVIN2 | | | | 0.40 | −1.31 | 6.5E-03 | | | |
| A0A452FIW1 | PAT complex subunit CCDC47 | CCDC47 | | | | 0.54 | −0.88 | 1.2E-02 | | | |

(continued on next page)

Table 1 (continued)

| Uniprot ID | Full protein names | Gene names | Comparison 1 h–8 h | | | Comparison 1 h–24 h | | | Comparison 8 h–24 h | | |
|--|--|------------|--------------------|-----------|---------|---------------------|-----------|---------|---------------------|-----------|---------|
| | | | FC | log2 (FC) | P-value | FC | log2 (FC) | P-value | FC | log2 (FC) | P-value |
| A0A452E6J2 | Aspartate-tRNA ligase, cytoplasmic | DARS1 | | | | 0.56 | −0.84 | 1.6E-03 | | | |
| A0A452EQX6 | Acyl-CoA-binding protein | DBI | | | | 1.77 | 0.82 | 3.4E-02 | | | |
| A0A452EXH5 | Ubiquinone biosynthesis protein COQ9, mitochondrial | COQ9 | | | | 0.44 | −1.18 | 2.2E-02 | | | |
| A0A452G0P2 | ATP-dependent RNA helicase DDX3X | DDX3X | | | | 0.66 | −0.59 | 1.6E-04 | | | |
| A0A452FM00 | Fatty acid-binding protein 5 | FABP5 | | | | 2.10 | 1.07 | 1.6E-02 | | | |
| A0A452EKA8 | Phenylalanine-tRNA ligase beta subunit | FARSB | | | | 0.63 | −0.66 | 2.0E-02 | | | |
| A0A452EZC4 | RNA-binding protein FXR1 | FXR1 | | | | 0.40 | −1.33 | 2.7E-03 | | | |
| A0A452G2Q3 | Glutamine synthetase | GLUL | | | | 0.36 | −1.48 | 9.4E-04 | | | |
| A0A452E9Q8 | Junctional sarcoplasmic reticulum protein 1 | JSRP1 | | | | 1.84 | 0.88 | 1.7E-02 | | | |
| A0A452G069 | WD repeat-containing protein 1 | WDR1 | | | | | | | 0.52 | −0.96 | 1.2E-02 |
| A0A452FYW6 | Cytoplasmic dynein 1 heavy chain 1 | DYNC1H1 | | | | | | | 1.76 | 0.81 | 3.1E-03 |
| A0A452E9T4 | Guanine nucleotide-binding protein G(s) subunit alpha isoforms short | GNAS1 | | | | 0.49 | −1.04 | 1.9E-03 | | | |
| A0A452EYC7 | Myotubularin | MTM1 | | | | 0.45 | −1.14 | 1.8E-02 | | | |
| A0A452E6Q6 | ATP-dependent RNA helicase DDX1 | DDX1 | 0.59 | −0.75 | 1.4E-02 | | | | | | |
| A0A452FTQ1 | Alpha-soluble NSF attachment protein | NAPA | 0.51 | −0.97 | 2.7E-02 | | | | | | |
| A0A452DKZ3 | Gamma-soluble NSF attachment protein | NAPG | | | | | | | 1.61 | 0.68 | 8.6E-04 |
| A0A452FSH7 | cAMP-dependent protein kinase type II-alpha regulatory subunit | PRKAR2A | | | | 0.52 | −0.96 | 2.9E-02 | | | |
| A0A452G043 | Parvalbumin alpha | PVALB | | | | 0.59 | −0.76 | 1.8E-02 | | | |
| A0A452GA81 | RNA-splicing ligase RtcB homolog | RTCB | | | | 0.47 | −1.09 | 4.2E-04 | | | |
| A0A452DTX3 | Electrogenic aspartate/glutamate antiporter SLC25A12, mitochondrial | SLC25A12 | 0.51 | −0.97 | 2.1E-03 | | | | | | |
| A0A452FME4 | Serine-threonine kinase receptor-associated protein | STRAP | 1.55 | 0.63 | 3.3E-02 | | | | | | |
| A0A452FMJ8 | Synaptopodin-2 | SYNPO2 | | | | 2.51 | 1.33 | 1.5E-02 | | | |
| A0A452FKN8 | Transketolase | TKT | | | | 1.57 | 0.65 | 3.2E-02 | | | |
| Catalytic, metabolism & ATP metabolic process (n = 30) | | | | | | | | | | | |
| A0A452F334 | Glycerol-3-phosphate dehydrogenase, mitochondrial | GPD2 | 0.54 | −0.90 | 3.7E-02 | 0.27 | −1.88 | 1.3E-04 | 0.51 | −0.98 | 1.6E-02 |
| A0A452E108 | Alpha-aminoacidic semialdehyde synthase, mitochondrial | AASS | | | | 0.25 | −2.00 | 5.0E-03 | 0.35 | −1.52 | 3.2E-02 |
| A0A452E8J9 | Isobutyryl-CoA dehydrogenase, mitochondrial | ACAD8 | 0.63 | −0.68 | 1.2E-02 | 0.44 | −1.18 | 7.6E-04 | | | |
| A0A452G2D9 | Very long-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial | ACADVL | | | | 0.49 | −1.02 | 2.4E-03 | 0.60 | −0.73 | 5.7E-03 |
| A0A452EMK6 | Glycogen debranching enzyme | AGL | 0.63 | −0.67 | 3.0E-02 | 0.52 | −0.94 | 8.5E-04 | | | |
| A0A452G5E3 | ATP synthase subunit d, mitochondrial | ATP5PD | 0.65 | −0.62 | 1.5E-02 | 0.47 | −1.09 | 1.6E-04 | | | |
| A0A452F5X7 | Valacyclovir hydrolase | BPHL | | | | 0.28 | −1.85 | 1.5E-04 | 0.41 | −1.28 | 7.8E-03 |
| A0A452F0R5 | Fructose-1,6-bisphosphatase isozyme 2 | FBP2 | 0.63 | −0.67 | 4.5E-02 | 0.52 | −0.93 | 1.6E-02 | | | |
| A0A452E1U5 | Hydroxysteroid dehydrogenase-like protein 2 | HSDL2 | 2.02 | 1.01 | 6.3E-03 | | | | 0.63 | −0.68 | 1.1E-02 |
| A0A452E8M7 | Isocitrate dehydrogenase [NAD] subunit beta, mitochondrial | IDH3B | 0.65 | −0.62 | 2.9E-02 | 0.57 | −0.80 | 1.3E-02 | | | |
| A0A452EHX9 | Cytochrome b-c1 complex subunit 7 | UQCRB | 0.56 | −0.85 | 1.3E-03 | 0.59 | −0.77 | 1.3E-02 | | | |
| A0A452EEG7 | Cytochrome c oxidase subunit 4 isoform 1, mitochondrial | COX4I1 | 0.38 | −1.40 | 1.7E-02 | 0.29 | −1.81 | 1.3E-03 | | | |

(continued on next page)

Table 1 (continued)

| Uniprot ID | Full protein names | Gene names | Comparison 1 h–8 h | | | Comparison 1 h–24 h | | | Comparison 8 h–24 h | | |
|--|--|------------|--------------------|-----------|---------|---------------------|-----------|---------|---------------------|-----------|---------|
| | | | FC | log2 (FC) | P-value | FC | log2 (FC) | P-value | FC | log2 (FC) | P-value |
| A0A452FQM6 | NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein 1, mitochondrial | NDUFV1 | 0.53 | −0.91 | 2.4E-02 | 0.42 | −1.24 | 2.7E-02 | | | |
| A0A452EA11 | Starch-binding domain-containing protein 1 | STBD1 | 0.60 | −0.74 | 2.0E-02 | 0.61 | −0.70 | 9.6E-03 | | | 1.9E-02 |
| A0A452ET55 | Triosephosphate isomerase | TP11 | | | | 0.39 | −1.37 | 7.0E-03 | 0.43 | −1.21 | 0.43 |
| A0A452DUT2 | Cytoplasmic aconitate hydratase | ACO1 | | | | 0.66 | −0.59 | 3.7E-02 | | | |
| A0A452G711 | D-beta-hydroxybutyrate dehydrogenase, mitochondrial | BDH1 | | | | 0.60 | −0.74 | 9.8E-03 | | | |
| A0A452DPQ1 | Fumarate hydratase, mitochondrial | FH | | | | 0.53 | −0.91 | 4.0E-02 | | | |
| A0A452DVV2 | Glutaryl-CoA dehydrogenase, mitochondrial | GCDH | | | | 0.56 | −0.84 | 4.5E-02 | | | |
| A0A452EG24 | Aspartate aminotransferase, mitochondrial | GOT2 | | | | 1.68 | 0.75 | 2.5E-02 | | | |
| A0A452FOW1 | Glycogen [starch] synthase, muscle | GYS1 | | | | 2.74 | 1.46 | 5.0E-03 | | | |
| A0A452EQW7 | Malate dehydrogenase, cytoplasmic | MDH1 | 0.56 | −0.82 | 1.5E-02 | | | | | | |
| A5JSS3 | Cytochrome c oxidase subunit NDUF4 | NDUFA4 | 0.63 | −0.66 | 3.6E-02 | | | | | | |
| A0A452EKC1 | NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 beta subcomplex subunit 8 | NDUF88 | | | | 0.62 | −0.68 | 4.9E-02 | | | |
| A0A452FXF1 | NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 2, mitochondrial | NDUFS2 | | | | 0.39 | −1.35 | 4.3E-04 | | | |
| A0A452EAK6 | Succinyl-CoA:3-ketoacid coenzyme A transferase 1, mitochondrial | OXCT1 | | | | 0.17 | −2.60 | 1.6E-02 | | | |
| A0A452EB05 | Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta, mitochondrial | PDHB | | | | 0.45 | −1.15 | 1.9E-03 | | | |
| D3K382 | Protein disulfide-isomerase A3 | PDIA3 | | | | 0.38 | −1.40 | 4.2E-03 | | | |
| A0A452EJU5 | Glycerol-3-phosphate phosphatase | PGP | | | | | | | 1.88 | 0.91 | 4.2E-07 |
| A0A452G830 | Prostaglandin reductase 1 | PTGR1 | | | | 0.65 | −0.63 | 1.8E-03 | | | |
| Muscle contraction, structure and associated proteins including ECM (n = 29) | | | | | | | | | | | |
| T1RLJ2 | Myozenin-2 | MYOZ2 | 0.50 | −1.01 | 2.0E-03 | 0.24 | −2.09 | 4.9E-05 | 0.47 | −1.08 | 1.6E-02 |
| A0A452DQP6 | Actin, alpha cardiac muscle 1 | ACTC1 | 0.48 | −1.07 | 3.3E-03 | 0.42 | −1.26 | 2.6E-04 | | | |
| A0A452G534 | Laminin subunit beta-1 | LAMB1 | 0.45 | −1.14 | 8.7E-03 | 0.38 | −1.40 | 9.0E-04 | | | |
| A0A452FOM9 | Myosin-binding protein H | MYBPH | 0.63 | −0.67 | 2.0E-03 | 0.43 | −1.23 | 6.1E-04 | | | |
| A0A452F6C9 | Myosin-1 | MYH1 | | | | 0.33 | −1.59 | 9.8E-04 | 0.40 | −1.32 | 4.1E-03 |
| A0A452EZH4 | Myosin-6 | MYH6 | 0.47 | −1.09 | 4.6E-02 | 0.35 | −1.53 | 5.8E-04 | | | |
| A0A452EJS4 | Myomesin-1 | MYOM1 | | | | 0.35 | −1.51 | 5.4E-04 | 0.42 | −1.24 | 2.7E-03 |
| A0A452DWY7 | Myomesin-3 | MYOM3 | | | | 3.93 | 1.98 | 5.9E-04 | 2.60 | 1.38 | 4.4E-02 |
| A0A452DR88 | Transforming growth factor-beta-induced protein ig-h3 | TGFBI | | | | 0.51 | −0.96 | 1.1E-02 | 0.54 | −0.90 | 1.2E-02 |
| F6KVT2 | Troponin C, slow skeletal and cardiac muscles | TNNC1 | 0.39 | −1.35 | 1.8E-03 | 0.25 | −2.00 | 2.7E-03 | | | |
| A0A452FH25 | Filamin-C | FLNC | | | | 2.22 | 1.15 | 2.1E-02 | | | |
| A0A452EL69 | Laminin subunit gamma-1 | LAMC1 | | | | 0.29 | −1.77 | 4.1E-02 | | | |
| A0A452E1G1 | LIM domain-binding protein 3 | LDB3 | | | | 0.47 | −1.08 | 3.1E-02 | | | |
| A0A452EDZ9 | LIM and cysteine-rich domains protein 1 | LMCD1 | | | | | | | 0.46 | −1.11 | 3.4E-02 |
| A0A452E9W0 | Myosin-13 | MYH13 | | | | | | | 1.61 | 0.69 | 2.5E-02 |
| A0A452FDI1 | Myosin-14 | MYH14 | | | | 1.54 | 0.63 | 3.6E-02 | | | |
| A0A452F3X0 | Myosin-7B | MYH7B | 0.62 | −0.70 | 3.6E-02 | | | | | | |

(continued on next page)

Table 1 (continued)

| Uniprot ID | Full protein names | Gene names | Comparison 1 h–8 h | | | Comparison 1 h–24 h | | | Comparison 8 h–24 h | | |
|---|--|------------|--------------------|-----------|---------|---------------------|-----------|---------|---------------------|-----------|---------|
| | | | FC | log2 (FC) | P-value | FC | log2 (FC) | P-value | FC | log2 (FC) | P-value |
| A0A023IYH7 | Myozenin-3 | MYOZ3 | 1.74 | 0.80 | 3.4E-02 | | | | | | |
| A0A452FDI6 | Nebulin-related-anchoring protein | NRAP | | | | 0.62 | -0.68 | 4.3E-04 | | | |
| A0A452F6N4 | Plastin-3 | PLS3 | | | | 0.64 | -0.64 | 4.9E-02 | | | |
| A0A452G4T8 | Beta-sarcoglycan | SGCB | | | | 0.53 | -0.91 | 7.3E-03 | | | |
| A0A452DPE6 | Smoothelin-like protein 1 | SMTNL1 | | | | 0.57 | -0.80 | 4.5E-02 | | | |
| A0A452G859 | Beta-1-syntrophin | SNTB1 | | | | 1.78 | 0.83 | 2.8E-02 | | | |
| A0A452E729 | Spectrin beta chain, erythrocytic | SPTB | | | | 2.36 | 1.24 | 4.8E-02 | | | |
| A0A452EVX3 | Troponin I, slow skeletal muscle | TNNI1 | | | | 0.50 | -1.01 | 2.5E-02 | | | |
| W8G3C9 | Troponin I, fast skeletal muscle | TNNI2 | | | | 0.63 | -0.66 | 9.7E-04 | | | |
| A0A452F0K7 | Tropomyosin alpha-3 chain | TPM3 | | | | 1.60 | 0.68 | 4.1E-02 | | | |
| A0A452FRG1 | Tubulin alpha-8 chain | TUBA8 | | | | 0.52 | -0.93 | 5.0E-02 | | | |
| A0A452DLF4 | Vinculin | VCL | | | | 0.49 | -1.03 | 1.1E-02 | | | |
| Oxidative stress, response to hypoxia & cell redox homeostasis (n = 15) | | | | | | | | | | | |
| A0A452E0A7 | Glutathione S-transferase Mu 3 | GSTM3 | 0.57 | -0.82 | 5.8E-03 | 0.28 | -1.85 | 2.7E-05 | 0.49 | -1.04 | 2.6E-03 |
| A0A452FWA7 | Sepiapterin reductase | SPR | 0.43 | -1.22 | 2.9E-02 | 0.23 | -2.14 | 2.2E-04 | 0.50 | -1.00 | 1.7E-02 |
| A0A452F7N2 | Adenosylhomocysteinase | AHCY | | | | 0.35 | -1.50 | 2.6E-04 | 0.52 | -0.94 | 1.0E-02 |
| A0A452EJW7 | Glutathione S-transferase P | GSTP1 | | | | 0.17 | -2.53 | 2.9E-04 | 0.24 | -2.07 | 3.0E-03 |
| A0A452G9M2 | 3-mercaptopyruvate sulfurtransferase | MPST | | | | 0.24 | -2.04 | 2.5E-05 | 0.58 | -0.78 | 3.9E-02 |
| A0A452FQK2 | Puromycin-sensitive aminopeptidase | NPEPPS | | | | 0.48 | -1.06 | 1.8E-03 | 0.57 | -0.82 | 7.2E-03 |
| A0A452FEB8 | Succinate-semialdehyde dehydrogenase, mitochondrial | ALDH5A1 | | | | 0.46 | -1.12 | 2.6E-02 | | | |
| A0A452DWP9 | Alpha-aminoacidic semialdehyde dehydrogenase | ALDH7A1 | | | | 0.52 | -0.94 | 1.1E-02 | | | |
| A0A452ED36 | B-cell receptor-associated protein 31 | BCAP31 | | | | 1.93 | 0.95 | 1.5E-02 | | | |
| A0A452EI23 | Persulfide dioxygenase ETHE1, mitochondrial | ETHE1 | | | | 0.64 | -0.64 | 2.3E-03 | | | |
| A0A452F4X9 | Lactoylglutathione lyase | GLO1 | | | | 2.01 | 1.00 | 1.0E-02 | | | |
| A0A452F9C0 | Glutathione S-transferase omega-2 | GSTO2 | | | | 0.63 | -0.67 | 3.2E-02 | | | |
| A0A452FM54 | Parkinson's disease protein 7 | PARK7 | | | | 0.60 | -0.73 | 1.8E-02 | | | |
| A0A452EUX2 | Peroxiredoxin-6 | PRDX6 | | | | 0.63 | -0.66 | 6.3E-03 | | | |
| A0A452EGP3 | Thioredoxin | TXN | | | | 0.63 | -0.66 | 3.1E-03 | | | |
| Ribosomal proteins (n = 10) | | | | | | | | | | | |
| A0A452EVI7 | 40S ribosomal protein S3a | RPS3A | 0.57 | -0.82 | 2.0E-02 | 0.35 | -1.53 | 4.9E-04 | 0.61 | -0.71 | 2.5E-02 |
| A0A452ELX4 | 60S ribosomal protein L15 | RPL15 | 0.59 | -0.77 | 3.4E-02 | 0.58 | -0.80 | 7.9E-03 | | | |
| A0A452F945 | 60S ribosomal protein L23a | RPL23A | | | | 0.26 | -1.94 | 8.8E-03 | 0.32 | -1.64 | 3.0E-02 |
| A0A452E6F8 | Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 1 | EIF2S1 | | | | 0.40 | -1.32 | 2.2E-02 | | | |
| A0A452E855 | 40S ribosomal protein S6 | RPS6 | | | | 0.31 | -1.70 | 1.6E-03 | | | |
| A0A452DXK9 | 40S ribosomal protein S23 | RPS23 | | | | 0.31 | -1.69 | 6.8E-05 | | | |
| A0A452E9F4 | Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 2 | EIF2S2 | | | | 0.63 | -0.67 | 1.7E-02 | | | |

(continued on next page)

Table 1 (continued)

| Uniprot ID | Full protein names | Gene names | Comparison 1 h–8 h | | | Comparison 1 h–24 h | | | Comparison 8 h–24 h | | |
|---|---|------------|--------------------|-----------|---------|---------------------|-----------|---------|---------------------|-----------|---------|
| | | | FC | log2 (FC) | P-value | FC | log2 (FC) | P-value | FC | log2 (FC) | P-value |
| A0A452G5D5 | 60S ribosomal protein L10a | RPL10A | | | | 0.52 | −0.95 | 1.7E-03 | | | |
| A0A452GB27 | 40S ribosomal protein S11 | RPS11 | | | | 2.06 | 1.04 | 1.3E-02 | | | |
| A5JST6 | 40S ribosomal protein S18 | RPS18 | | | | 0.31 | −1.69 | 1.4E-03 | | | |
| Proteolysis & associated proteins (n = 9) | | | | | | | | | | | |
| A0A452F429 | Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase isozyme L3 | UCHL3 | 0.57 | −0.80 | 7.3E-03 | 0.31 | −1.69 | 2.1E-03 | 0.37 | −1.45 | 4.7E-03 |
| A0A452EAB1 | Proteasome subunit alpha type-4 | PSMA4 | 0.40 | −1.32 | 6.7E-03 | 0.34 | −1.57 | 4.6E-03 | | | |
| A0A452F184 | 26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 5 | PSMD5 | 0.53 | −0.91 | 5.5E-03 | 0.53 | −0.92 | 1.1E-02 | | | |
| A0A452G3P7 | 26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 4 | PSMD4 | 3.78 | 1.92 | 2.1E-03 | | | | 0.32 | −1.62 | 2.0E-02 |
| A0A452F5G1 | Leukocyte elastase inhibitor | SERPINB1 | | | | 0.50 | −1.01 | 4.8E-03 | 0.53 | −0.91 | 9.0E-03 |
| A0A452G7E7 | Pigment epithelium-derived factor | SERPINF1 | 0.63 | −0.66 | 7.7E-03 | 0.56 | −0.83 | 8.7E-04 | | | |
| A0A452DZU0 | Alpha-1-antichymotrypsin | SERPINA3 | | | | 1.97 | 0.98 | 5.9E-03 | | | |
| A0A452EWR7 | Proteasome subunit alpha type-3 | PSMA3 | | | | 1.97 | 0.98 | 3.1E-02 | | | |
| A0A452DQ02 | 26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 3 | PSMD3 | 0.46 | −1.12 | 4.6E-02 | | | | | | |
| Chaperones and/or Heat shock proteins (n = 9) | | | | | | | | | | | |
| A0A452G497 | Small glutamine-rich tetra-tricopeptide repeat-containing protein alpha | SGTA | 0.50 | −1.01 | 2.1E-03 | 0.30 | −1.72 | 1.8E-06 | 0.61 | −0.71 | 1.3E-02 |
| A0A452ESU7 | Heat shock protein beta-1 | HSPB1 | | | | 0.39 | −1.37 | 3.8E-03 | 0.45 | −1.16 | 1.7E-02 |
| A0A452E0C3 | 10 kDa heat shock protein, mitochondrial | HSPE1 | 0.36 | −1.46 | 2.4E-03 | 0.42 | −1.24 | 4.1E-02 | | | |
| A0A452EXC0 | Nucleosome assembly protein 1-like 4 | NAP1L4 | | | | 1.91 | 0.93 | 3.4E-05 | 1.72 | 0.78 | 9.7E-05 |
| A0A452DVG8 | Protein disulfide-isomerase A6 | PDIA6 | | | | 0.37 | −1.42 | 4.3E-05 | 0.64 | −0.64 | 2.1E-02 |
| A0A452EJT8 | T-complex protein 1 subunit delta | CCT4 | | | | 0.40 | −1.32 | 7.5E-03 | | | |
| A0A452ETE8 | T-complex protein 1 subunit zeta | CCT6A | | | | 0.52 | −0.95 | 7.6E-03 | | | |
| A0A452G662 | Heat shock protein beta-7 | HSPB7 | | | | 0.37 | −1.45 | 1.1E-03 | | | |
| A0A452G7V5 | Protein disulfide-isomerase | P4HB | | | | | | | 1.81 | 0.86 | 1.9E-02 |
| Miscellaneous (n = 14) | | | | | | | | | | | |
| A0A452EAY4 | Protein NDRG2 | NDRG2 | 0.58 | −0.79 | 3.1E-02 | 0.33 | −1.59 | 1.7E-04 | 0.63 | −0.67 | 3.0E-02 |
| A0A452FF76 | Complement factor H | CFH | | | | 1.51 | 0.60 | 1.4E-02 | 1.51 | 0.60 | 2.9E-02 |
| A0A452FSE0 | Protein-cysteine N-palmitoyltransferase HHAT-like protein | HHATL | 0.64 | −0.64 | 4.8E-02 | 0.50 | −0.99 | 9.9E-05 | | | |
| A0A452G9A6 | Beta-taxilin | TXLNB | 0.54 | −0.88 | 7.8E-03 | 0.38 | −1.38 | 1.7E-04 | | | |
| A0A452FBU0 | eIF5-mimic protein 2 | BZW1 | | | | 0.34 | −1.55 | 1.2E-02 | | | |
| A0A452F2J8 | Cullin-associated NEDD8-dissociated protein 2 | CAND2 | | | | 0.50 | −1.00 | 2.4E-02 | | | |
| A0A452FJG6 | COP9 signalosome complex subunit 2 | COPS2 | | | | 1.51 | 0.59 | 2.8E-02 | | | |
| A0A452F711 | Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP3 | FKBP3 | | | | 1.68 | 0.75 | 4.5E-02 | | | |
| A0A452ED39 | Glutamine amidotransferase-like class 1 domain-containing protein 3 | GATD3A | | | | 1.95 | 0.96 | 3.9E-02 | | | |
| A0A452DZ71 | Glyoxalase domain-containing protein 4 | GLOD4 | | | | 0.61 | −0.72 | 3.6E-02 | | | |
| A0A452FH30 | Deoxyribonuclease-1-like 1 | DNASE1L1 | | | | | | | 0.54 | −0.90 | 2.0E-02 |

(continued on next page)

Table 1 (continued)

| Uniprot ID | Full protein names | Gene names | Comparison 1 h–8 h | | | Comparison 1 h–24 h | | | Comparison 8 h–24 h | | |
|------------|---|------------|--------------------|-----------|---------|---------------------|-----------|---------|---------------------|-----------|---------|
| | | | FC | log2 (FC) | P-value | FC | log2 (FC) | P-value | FC | log2 (FC) | P-value |
| A0A452G2G2 | Eukaryotic translation initiation factor 5A-1 | EIF5A | | | | | | | 1.66 | 0.73 | 3.2E-02 |
| A0A452FVK2 | Sorting and assembly machinery component 50 homolog | SAMM50 | | | | 0.54 | −0.88 | 4.9E-02 | | | |
| A0A452G1L9 | Protein-glutamine gamma-glutamyltransferase 2 | TGM2 | | | | 0.54 | −0.90 | 2.2E-02 | | | |

The proteins in bold correspond to the common proteins whatever the comparison (post-mortem time).

Table 2

Total number of protein identified (and percentage) among the three early post-mortem times categorized into eight molecular functions.

| Molecular functions/pathways | All times | 1h-8h | 8h-24h | 1h-24h |
|---|-----------|----------|----------|----------|
| Total number of DAPs proteins | 174 | 55 | 52 | 153 |
| Binding, transport and calcium homeostasis | 58 (33%) | 19 (34%) | 18 (35%) | 51 (33%) |
| Catalytic, metabolism & ATP metabolic process | 30 (17%) | 13 (24%) | 7 (13%) | 26 (17%) |
| Muscle contraction, structure and associated proteins including ECM | 29 (17%) | 8 (14%) | 7 (13%) | 25 (16%) |
| Oxidative stress, response to hypoxia & cell redox homeostasis | 15 (9%) | 2 (4%) | 6 (11%) | 14 (9%) |
| Ribosomal proteins | 10 (6%) | 2 (4%) | 2 (4%) | 10 (7%) |
| Chaperones and/or Heat shock protein | 9 (5%) | 2 (4%) | 5 (10%) | 8 (5%) |
| Proteolysis & associated proteins | 9 (5%) | 6 (11%) | 3 (6%) | 6 (4%) |
| Miscellaneous | 14 (8%) | 3 (5%) | 4 (8%) | 13 (9%) |

The color gradients, within each color, are added to highlight the dynamic changes over times and protein counts differences among the three pairwise comparisons.

from 33 to 35%), whereas catalytic, metabolism & ATP metabolic process pathway was more important early post-mortem for 1 h–8 h (24%) than the others, hence depicting the importance of energy metabolism in the conversion of muscle into meat very early post-mortem. Similarly, proteolysis & associated proteins were more significant very early post-mortem than any other comparison. Inversely, the number of proteins belonging to oxidative stress, response to hypoxia & cell redox homeostasis as well as chaperones and/or heat shock protein pathways were less involved between 1 h–8 h (4%) compared to 8 h–24 h (10–11%). In the following sections, detailed results for each comparison are given.

3.1. Comparison of the goat *Semitendinosus* muscle proteome between 1 h and 8 h post-mortem

From the 55 DAPs identified in the goat *Semitendinosus* muscle proteome to differ between 1 h and 8 h post-mortem (Table 1), 5 were up-regulated (PMSD4, HSDL2, CASQ2, STRAP, and MYOZ3) and 50 were down-regulated at 1 h post-mortem (Fig. 1A). The pathway enrichment analysis of this protein list revealed 15 significantly enriched terms (Fig. 1B). The statistics details of each GO term are given in Table S1 and the association between the enriched terms and their functional enrichment are further reported by the functional GO network of Fig. S1. Among these, the top 8 enriched terms were energy derivation by oxidation of organic compounds (GO:0015980), heart contraction (GO:0060047), actomyosin structure organization (GO:0031032), proteolysis involved in protein catabolic process (GO:0051603), cellular carbohydrate catabolic process (GO:0044275), NADH metabolic process (GO:0006734), proton transmembrane transport (GO:1902600) and mitochondrial transmembrane transport (GO:1990542). The PPI network of the 55 DAPs is given in Fig. 1C. The network revealed interconnectedness among the functional pathways, mainly among the four major pathways, these being binding, transport and calcium homeostasis, catalytic, metabolism & ATP metabolic process, muscle contraction, structure and associated proteins, and proteolysis & associated proteins. Only four proteins (SPR, GSTM3, SGTA, and NDRG2) showed no interactions, but the large majority of proteins were all interrelated allowing the creation of a unique interacting network.

3.2. Comparison of the goat *Semitendinosus* muscle proteome between 8 h and 24 h post-mortem

As shown in Table 1, 52 DAPs were different in the goat *Semitendinosus* muscle proteomes at 8 h and 24 h post-mortem. The results of the volcano plot evidenced 10 proteins (NAPG, DYNC1H1, CAMK2D, NAP1L4, P4HB, MYH13, MYOM3, PGP, CFH, and EIF5A) to be up-regulated in the goat *Semitendinosus* muscle at 8 h post-mortem, whereas, 42 were down-regulated (Fig. 2A). The pathway enrichment analysis revealed 13 significantly enriched GO terms (Fig. 2B). The statistics details of each GO term are given in Table S2 and the association between the enriched terms and their functional enrichment are further reported by the functional GO network of Fig. S2. Among these, the top 5 enriched terms were peptide metabolic process (GO:0006518), glycerol metabolic process (GO:0006071), muscle system process (GO:0003012), sulfur compound metabolic process (GO:0006790), small molecule catabolic process (GO:0044282) and cellular macromolecule catabolic process (GO:0044265). The PPI network of the 52 DAPs is given in Fig. 2C, evidencing a network of 40 edges with 18 proteins that were not interconnected. The PPI network revealed also an interconnectedness among the different functional pathways we identified in this study.

3.3. Comparison of the goat *Semitendinosus* muscle proteome between 1 h and 24 h post-mortem

As expected, a very high number of proteins (154 DAPs) are changing between 1 h and 24 h post-mortem (Table 1), from which 127 proteins were down-regulated and 27 up-regulated at 1 h post-mortem (Fig. 3A). This highlights major dynamic changes occurring in the post-mortem *Semitendinosus* muscle. The 27 up-regulated DAPs at 1 h than 24 h post-mortem are involved in muscle contraction ($n = 8$; MYOM3, CASQ2, SPTB, FLNC, SNTB1, MYH14, TPM3, FKBP3), binding, transport and calcium homeostasis ($n = 8$; CAMK2D, SYNPO2, FABP5, JSRP1, CAV1, DBI, ATP2A2, TKT) and proteolysis and associated proteins (SERPINA3 and PSMA3). The pathway enrichment analysis performed on the 154 proteins revealed 20 significantly enriched terms (Fig. 3B).

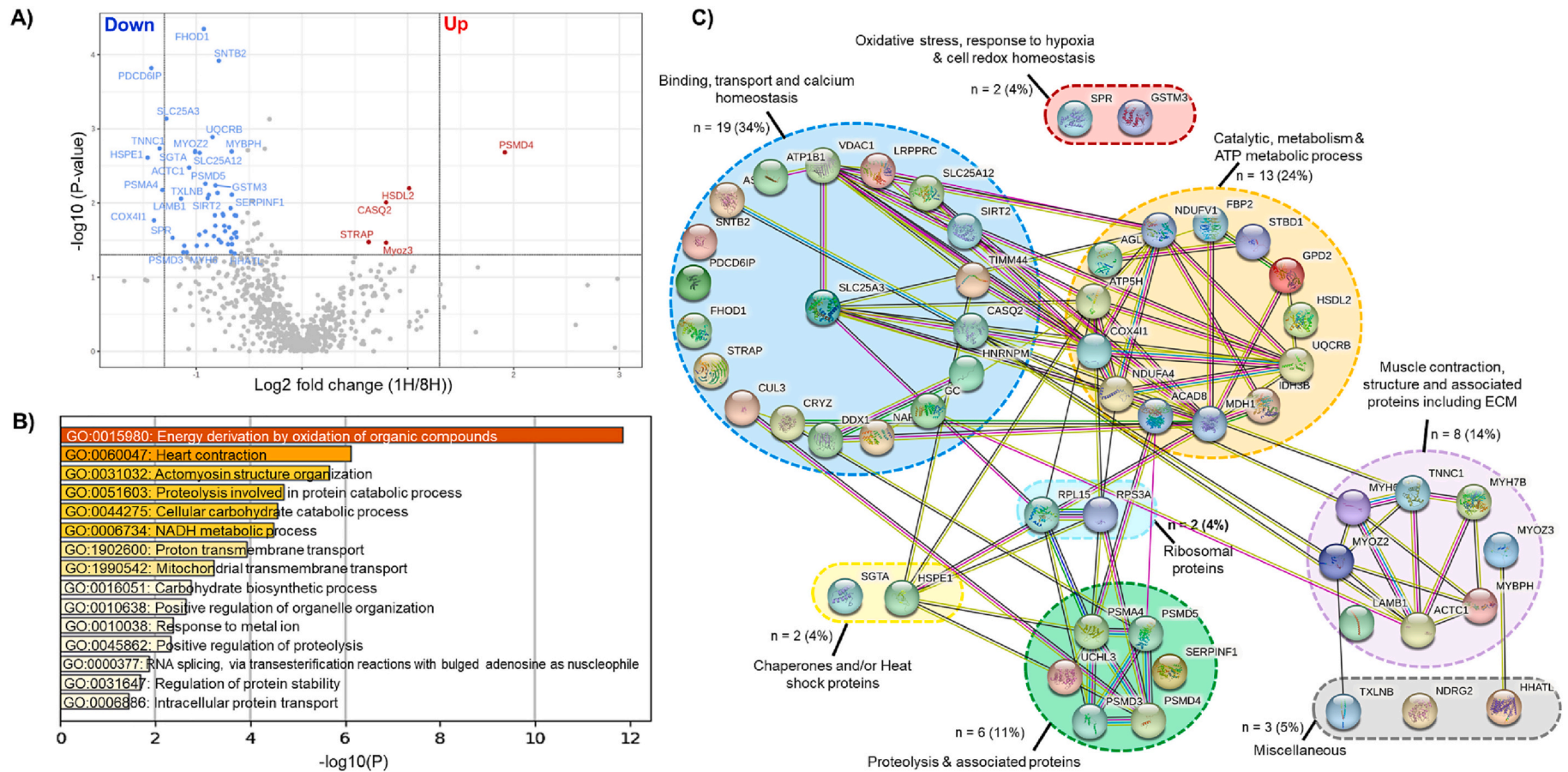


Fig. 1. Differentially abundant proteins (DAPs) between 1 h and 8 h post-mortem sampling times in goat *Semitendinosus* muscle. A) Volcano plot showing the proteins significantly different (fold change ≥ 1.5 and P -value < 0.05) between 1 h and 8 h post-mortem (details on the full names of the proteins and their molecular functions are given in Table 1). The up- and down-regulated proteins at 1 h versus 8 h post-mortem are shown in red and blue, respectively. B) Bioinformatics analysis. Bar graph of the 55 DAPs highlighting the functional enrichment analysis using Metascape® (see functional network in Fig. S1 for further the details). The top 15 enriched and significant Gene Ontology (GO) terms ranked by their p -value are given. Stronger colors represent greater significant enrichment. Functional enrichment was performed by selecting Gene Ontology (GO) Biological Processes as ontology source. C) Protein-protein interaction analysis of the 55 DAPs using STRING database categorized into eight molecular functions using manual annotations. (For interpretation of the references to color in this figure legend, the reader is referred to the web version of this article.)

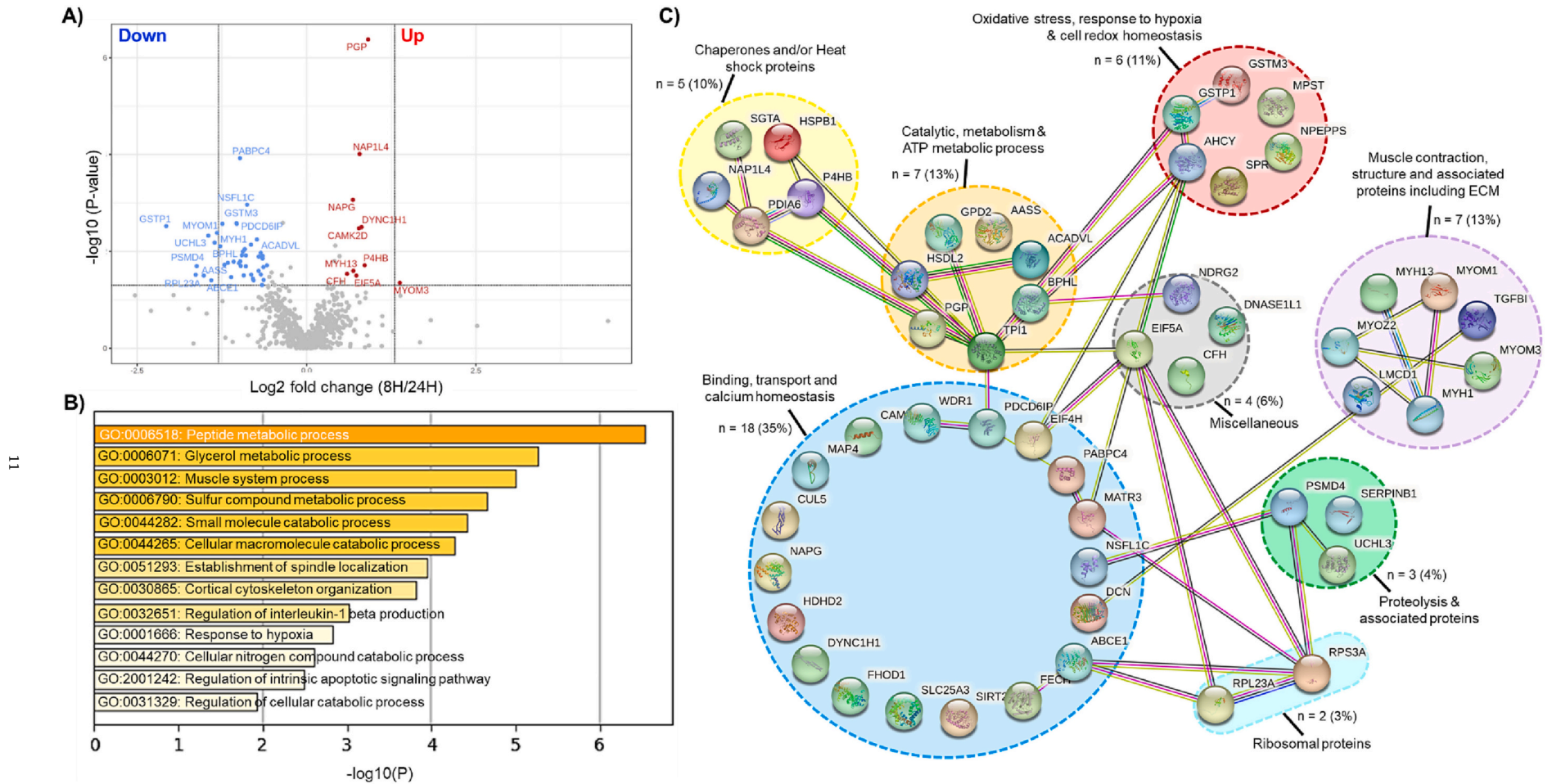


Fig. 2. Differentially abundant proteins (DAPs) between 8 h and 24 h post-mortem sampling times in goat Semitendinosus muscle. A) Volcano plot showing the proteins significantly different (fold change ≥ 1.5 and P -value < 0.05) between 8 h and 24 h post-mortem (details on the full names of the proteins and their molecular functions are given in Table 1). The up- and down-regulated proteins at 8 h versus 24 h post-mortem are shown in red and blue, respectively. B) Bioinformatics analysis. Bar graph of the 52 DAPs highlighting the functional enrichment analysis using Metascape® (see functional network in Fig. S2 for further the details). The top 13 enriched and significant Gene Ontology (GO) terms ranked by their p -value are given. Stronger colors represent greater significant enrichment. Functional enrichment was performed by selecting Gene Ontology (GO) Biological Processes as ontology source. C) Protein-protein interaction analysis of the 52 DAPs using STRING database categorized into eight molecular functions using manual annotations. (For interpretation of the references to color in this figure legend, the reader is referred to the web version of this article.)

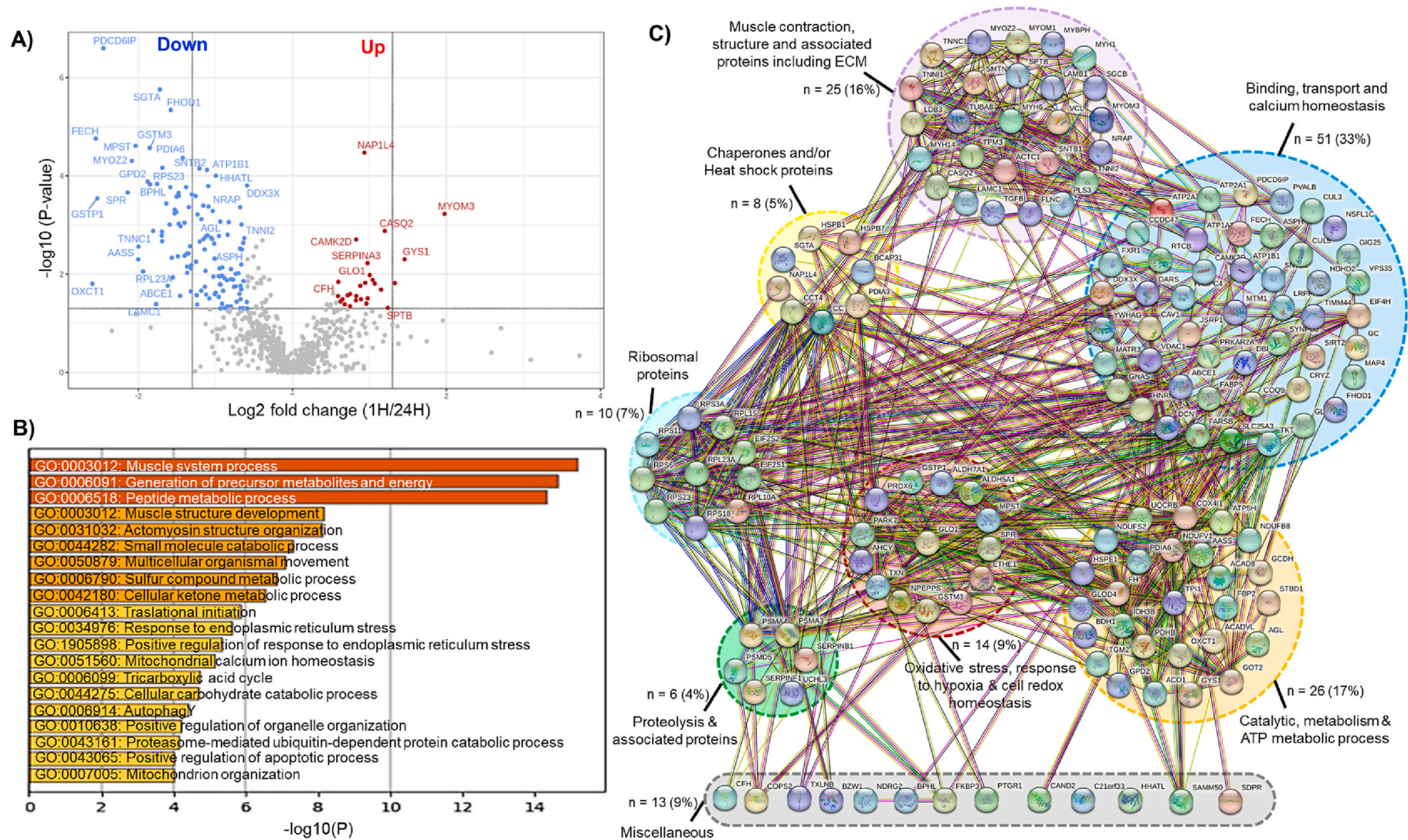


Fig. 3. Differentially abundant proteins (DAPs) between 1 h and 24 h post-mortem sampling times in goat Semitendinosus muscle. A) Volcano plot showing the proteins significantly different (fold change ≥ 1.5 and P-value < 0.05) between 1 h and 24 h post-mortem (details on the full names of the proteins and their molecular functions are given in Table 1). The up- and down-regulated proteins at 1 h versus 24 h post-mortem are shown in red and blue, respectively. B) Bioinformatics analysis. Bar graph of the 154 DAPs highlighting the functional enrichment analysis using Metascape® (see functional network in Fig. S3 for further the details). The top 20 enriched and significant Gene Ontology (GO) terms ranked by their p-value are given. Stronger colors represent greater significant enrichment. Functional enrichment was performed by selecting Gene Ontology (GO) Biological Processes as ontology source. C) Protein-protein interaction analysis of the 154 DAPs using STRING database categorized into eight molecular functions using manual annotations (Table 1). (For interpretation of the references to color in this figure legend, the reader is referred to the web version of this article.)

The statistics details of each GO term are given in Table S3 and the association between the enriched terms and their functional enrichment are further reported by the functional GO network of Fig. S3. The top 3 enriched GO terms clusters were muscle system process (GO: 0003012), generation of precursor metabolites and energy (GO:0006091), and peptide metabolic process (GO:0006518). These were followed mainly by muscle structure development (GO:0003012), actomyosin structure organization (GO:0031032), small molecule catabolic process (GO: 0044282), multicellular organismal movement (GO:0050879), sulfur compound metabolic process (GO:0006790), and cellular ketone metabolic process (GO:0042180). The PPI network revealed a strong interconnectedness between the proteins and the functional pathways to which they belong (Fig. 3C). To the best of our knowledge, this is the

first comprehensive PPI network depicting the dynamic changes occurring in early post-mortem muscle revealed by shotgun proteomics. Such complexity of the mechanisms is further confirmed by the hierarchical heatmap clustering of the 154 up- and down-regulated proteins between 1 h and 24 h post-mortem (Fig. 4). The findings highlighted among other enriched terms, that regulation of proteolysis (GO:0030162), muscle structure development (GO:0061061) and muscle system process (GO:0003012) are common changing pathways. Interestingly, one GO term was exclusively enriched at 1 h post-mortem only, this being vascular process in circulatory system (GO:0003018), while 40 GO terms were significantly enriched at 24 h post-mortem only (Fig. 4).

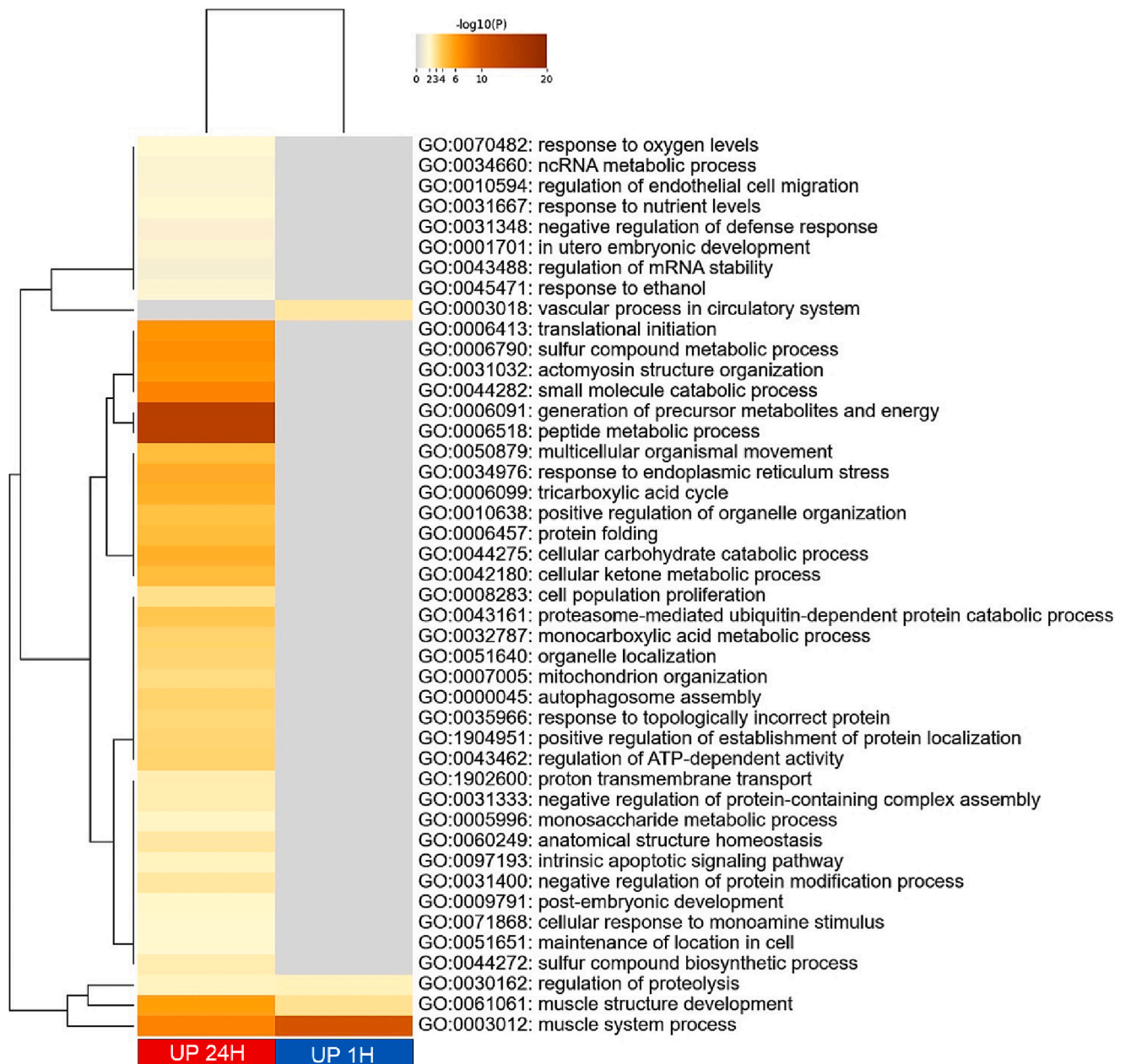


Fig. 4. Hierarchical heatmap clustering using the differentially abundant proteins (DAPs) between 1 h and 24 h post-mortem to compare the enriched Gene Ontology (GO) terms within the up- and down-regulated proteins at 1 h post-mortem. Functional enrichment was performed using Metascape® selecting Gene Ontology (GO) Biological Processes as ontology source (further details are given in Fig. 3). The heatmap colored by the *p*-values are indicated by color, where grey cells indicate a lack of significant enrichment in that GO, palest brown indicates a low *p*-value and darkest brown indicates a high *p*-value in each of the corresponding post-mortem times. At 1 h post-mortem, only 4 GO terms were enriched from which one “GO:0003018: vascular process in circulatory system” was specific. (For interpretation of the references to color in this figure legend, the reader is referred to the web version of this article.)

3.4. Protein overlap and comparison of the DAPs changing during the post-mortem period

Functional enrichment analysis and clustering on the total DAPs identified to change in the goat *Semitenidinosus* muscle proteome among all post-mortem time comparisons are given in Fig. 5. The overlap among the three protein lists revealed 12 common proteins: SLC25A3, SIRT2, FHOD1, PDCD6IP, GPD2, SPR, UCHL3, RPS3A, SGTA, MYOZ2, GSTM3 and NDRG2 (Table 1, Figs. 5A and S4). These proteins belong to five significantly enriched GO terms (Fig. 5B) mainly dominated by proteolysis involved in the protein catabolic process (GO:0051603). The abundances of these common proteins were increasing during the post-mortem time (Fig. 5C), and their projection in a PCA analysis allowed a clear separation of the three post-mortem times (Fig. 5D).

The hierarchical heatmap clustering of the total DAPs of each condition (1 h–8 h, 8 h–24 h, and 1 h–24 h) revealed 6 common enriched terms (Fig. 5E), these being carbohydrate metabolic process (GO:0005975), proteasome-mediated ubiquitin-dependent protein catabolic process (GO:0043161), actomyosin structure organization (GO:0031032), positive regulation of organelle organization (GO:0010638), muscle system process (GO:0003012), and generation of precursor metabolites and energy (GO:0006091). The dominant GO terms are further shown in a functional network (Fig. 6A), depicting the degree of interconnectedness of the dynamic changes occurring early post-mortem in the goat muscle. Among these GO terms, those related to the muscle system process, generation of precursor metabolites and energy, actomyosin structure organization, and carbohydrate metabolic process were more abundant in the 1 h–24 h comparison. Furthermore, it must be noted that the tricarboxylic acid cycle (GO:0006099), mitochondrial calcium ion homeostasis (GO:0051560), positive regulation of apoptotic process (GO: 0043065), autophagy (GO:0006914), and cellular ketone metabolic process (GO:0042180) were significantly and exclusively specific to the goat *Semitenidinosus* muscle proteome comparison between 1 h and 24 h post-mortem, whereas, glycerol metabolic process (GO:0006071) was for the comparison between 8 h–24 h post-mortem. The full functional enrichment of the top 20 GO clusters with their representative enriched terms (one per cluster) are given in Fig. 6B.

3.5. Discrimination of post-mortem times by means of chemometrics

The sparse partial least-squares discriminant analysis (sPLS-DA) allowed a clear separation of the three post-mortem times (Fig. 7A). Several proteins allowed achieving a clear separation based on their VIP scores, depicting in Fig. 7B the most contributing 20 proteins. Our findings corroborate those of an earlier study that used two-dimensional electrophoresis and chemometrics for the profiling of post-mortem changes at different sampling times in bovine muscle (Jia et al., 2006). The authors revealed 39 changing proteins originating from 47 spots, allowing a clear separation of the post-mortem times. In this study, only NAP1L4 showed a higher content in the goat *Semitenidinosus* muscle at 1 h post-mortem, whereas 19 proteins were abundant at 24 h post-mortem, and intermediate for 8 h post-mortem. Interestingly, 11 proteins out of the 12 common proteins (PDCD6IP, FHOD1, SGTA, GSTM3, MYOZ2, SLC25A3, SIRT2, NDRG2, GPD2, SPR, and RPS3A) belong to the list of the top 20 proteins. They can be proposed as candidate biomarkers of post-mortem ageing (storage time) and goat meat quality.

4. Discussion

With the growing world's population and demand for animal proteins, goat meat represents an alternative and sustainable meat source of high-quality (lean meat with relatively low-fat content and cholesterol intake), making it a potential competitor to conventional red meat sources (Lamri et al., 2022; Mazhangara, Chivandi, Mupangwa, & Muchenje, 2019). However, there is a need to strengthen our knowledge

on the factors underpinning the biochemical mechanisms at interplay in goat meat quality determination. As stated, meat is a consequence of myriad mechanisms taking place in muscle since the first hours following animal bleeding and continue during the post-mortem and ageing periods (Gagaoua, Duffy, et al., 2022). Recently, the application of proteomics in meat research has yielded valuable insights over conventional methods (Purslow et al., 2021), hence contributing greatly to a better understanding of the complexity of the muscle proteome and its importance in determining meat quality (Gagaoua, Schilling, et al., 2022). Despite this, to date and to the best of our knowledge, the dynamic changes in goat muscle proteome have never been studied, and the existing few recent label-free proteomics studies are limited to the comparison of goat breeds or to the impact of freezing storage on meat properties (Di Luca et al., 2022; Gu, Wei, Zhang, & Liu, 2020; Jia et al., 2021). Therefore, shotgun proteomics, coupled with bioinformatics and chemometrics, were applied in this study to investigate the modifications in the protein abundances occurring early post-mortem in *Semitenidinosus* muscle proteome of goats, with the aim of deciphering the molecular signatures at interplay. We further attempt to discover putative protein biomarkers that can be used to monitor the early post-mortem phase of muscle into meat conversion, and consequently develop strategies ensuring high-quality goat meat products. This can be performed based on reference values for each biomarker; monitoring the production process to ensure that the meat products meet the established reference values; adjustments to the production process can be made to ensure that the biomarker levels are optimized for high-quality meat products; and finally, quality control measures can be implemented to ensure that the meat products meet the desired quality standards.

In this study, the temporal proteomics profiling of the *Semitenidinosus* post-mortem muscle evidenced substantial dynamic changes along with the involvement of myriad and interconnected biological pathways, some of which were never revealed before, even in beef or pork muscles. Thanks to the proteomics protocol we applied, a thorough profiling of the observed changes was made possible. Proteins involved in binding, transport and calcium homeostasis and others from the muscle contraction and structure exhibited an equivalent contribution during post-mortem storage, demonstrating the central role in driving the processes taking place in post-mortem muscle (England, Scheffler, Kasten, Matarneh, & Gerrard, 2013; Gagaoua, Troy, & Mullen, 2021; Lana & Zolla, 2016; Ouali et al., 2013). Catalytic, metabolism and ATP metabolic process, and proteolysis were found active pathways since the first hours following animal bleeding. Conversely, oxidative stress, response to hypoxia and cell redox homeostasis along chaperones and heat shock proteins as key players of stress response accounted for the large proportion of the biochemical processes taking place more significantly after 8 h post-mortem. These suggest that oxidative processes occur at a weak or moderate intensity around 1 h post-mortem. This study is the first to reveal these important molecular signatures including the rate at which they evolve. The generation and accumulation of reactive oxygen species (ROS) early post-mortem due to the intense catalytic activity of the energy metabolism pathways, especially from mitochondria, activate the endogenous antioxidant defense systems of muscle (Zhang, Xiao, & Ahn, 2013). Studies described that an increase in the ROS content in post-mortem muscle cells might affect the biochemical metabolism, apoptosis onset and thereby meat tenderization (Gagaoua, Terlouw, et al., 2021; Lana & Zolla, 2015; Malheiros et al., 2019). Apoptosis has been reported to initiate immediately after slaughter (Laville et al., 2009). The down regulation of anti-apoptotic factors enhances the cell death process, which consequently increases meat tenderization through the proteolysis of myofibrils by activated caspases among other proteases (Gagaoua et al., 2015; Ouali et al., 2013; Sierra & Olivan, 2013). Together with the anoxic and oxidative stress caused by the acute loss of oxygen, skeletal muscle cells are more likely to enter apoptosis through the intrinsic pathway rapidly after exsanguination (Rønning, Andersen, Pedersen, & Hollung, 2017). Concerning

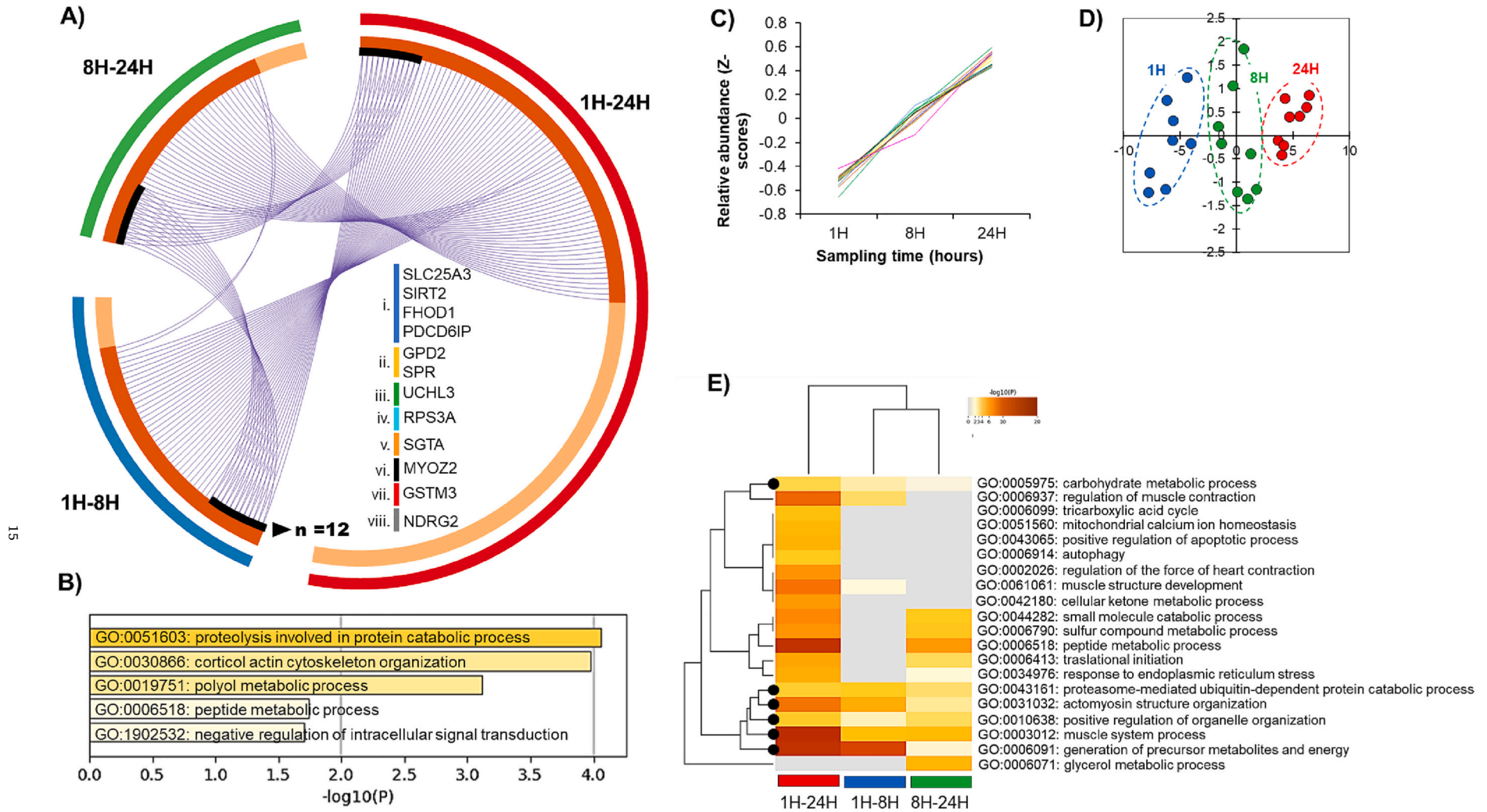


Fig. 5. Biological pathway and process enrichment analysis on the total DAPs proteins ($n = 174$) identified to change early post-mortem among the 3 different time comparisons (1 h–8 h, 8 h–24 h and 1 h–24 h) in the goat *Semitendinosus* muscle. **A)** Circos plot depicting the overlap between proteins changing during early post-mortem time among the three DAPs lists. Proteins that were not differentially abundant are not included. Twelve common proteins (shown with black semi-circles) are changing whatever the post-mortem time comparison and categorized based on the eight molecular functions: i) Binding, transport and calcium homeostasis; ii) Catalytic, metabolism & ATP metabolic process; iii) Proteolysis and associated proteins; iv) Ribosomal proteins; v) Chaperones and/or Heat shock proteins; vi) Muscle contraction, structure and associated proteins including ECM; vii) Oxidative stress, response to hypoxia & cell redox homeostasis; and viii) Miscellaneous. The details on the specific and common proteins (using gene names) of the other conditions are given in Fig. S4. **B)** Bar graph showing the biological pathways (top 5 GO terms) found for the 12 common proteins. Functional enrichment was performed using Metascape® selecting Gene Ontology (GO) Biological Processes as ontology source. The bar graphs are colored according to *P*-values: terms with a *P*-value < 0.05, a minimum count of 2, and an enrichment factor > 1.5. **C)** Protein trajectories of the 12 common proteins for the three post-mortem times defined within the Circos plot. For each individual protein, z-scores were calculated by subtracting the mean normalized protein expression values (relative abundance protein levels) in each condition. **D)** Bi-plot of Principal component analysis (PCA) depicting the separation of the three post-mortem times with the 12 common DAPs proteins. **E)** Heatmap comparing the significantly enriched Gene Ontology (GO) terms using the DAPs proteins of each condition. The heatmap colored by the *p*-values are indicated by color, where grey cells indicate a lack of significant enrichment in that GO, palest brown indicates a low *p*-value and darkest brown indicates a high *p*-value in each of the corresponding post-mortem times. The common GO terms to the three conditions are highlighted by black circles. (For interpretation of the references to color in this figure legend, the reader is referred to the web version of this article.)

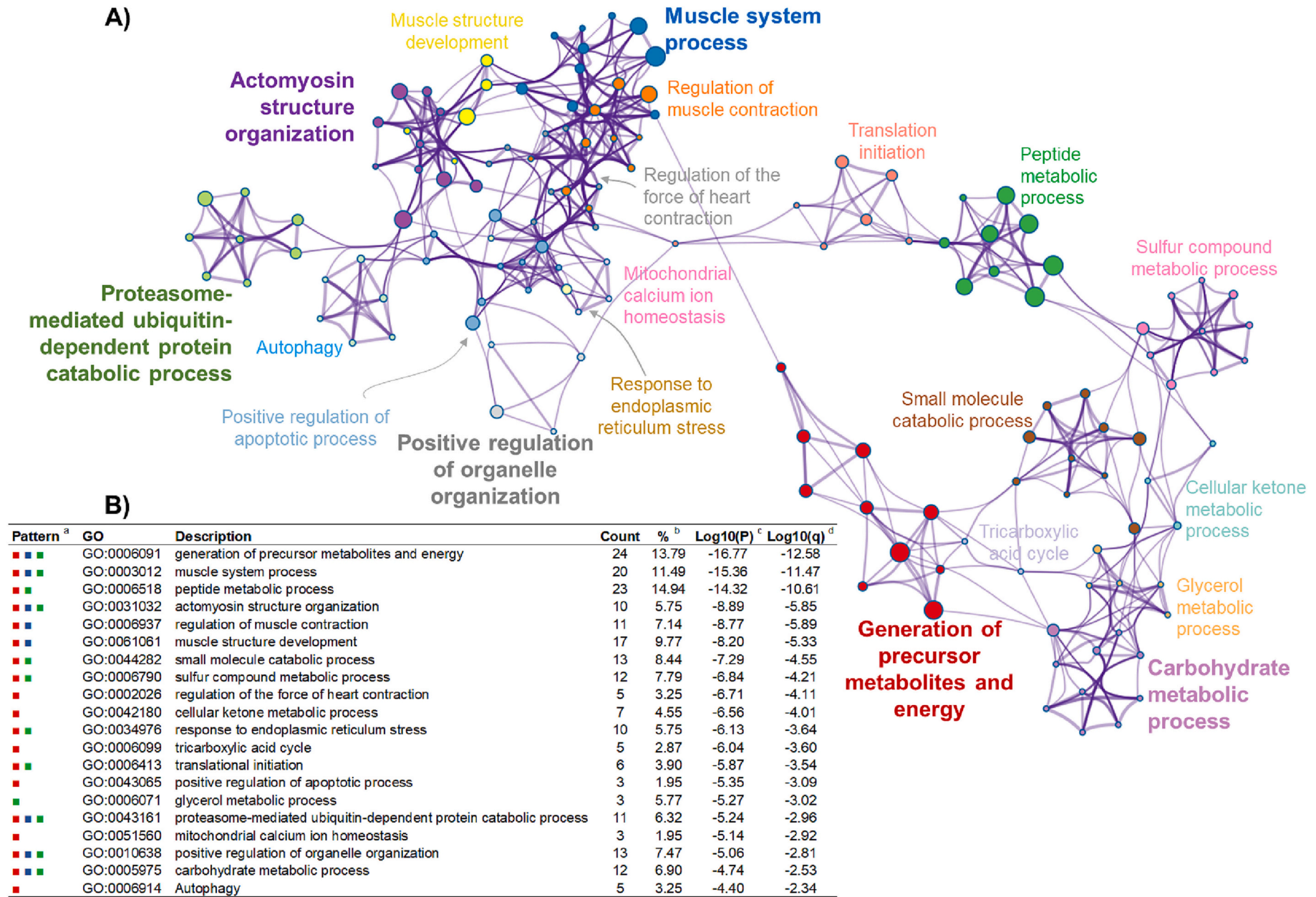


Fig. 6. Functional network (related to Fig. 5C) constructed with Metascape® depicting the interconnectedness of the GO clusters using the 174 DAPs identified to change over post-mortem time in the goat *Semite-ndinosus* muscle. The corresponding GO number and the details of the top 20 clusters with their representative enriched terms (one per cluster) are given in the table in the left side of the network (^a Red (■) refers to 1 h–24 h; Blue (■) refers to 1 h–8 h; Green (■) refers to 8 h–24 h; ^b Percentage to the full protein list that are found in the given ontology term, only input gene names with at least one ontology term annotation are included in the calculation; ^c P-value in log base 10; ^d Multi-test adjusted p-value in log base 10). The most statistically significant term within a cluster is automatically chosen to represent each GO term. (For interpretation of the references to color in this figure legend, the reader is referred to the web version of this article.)

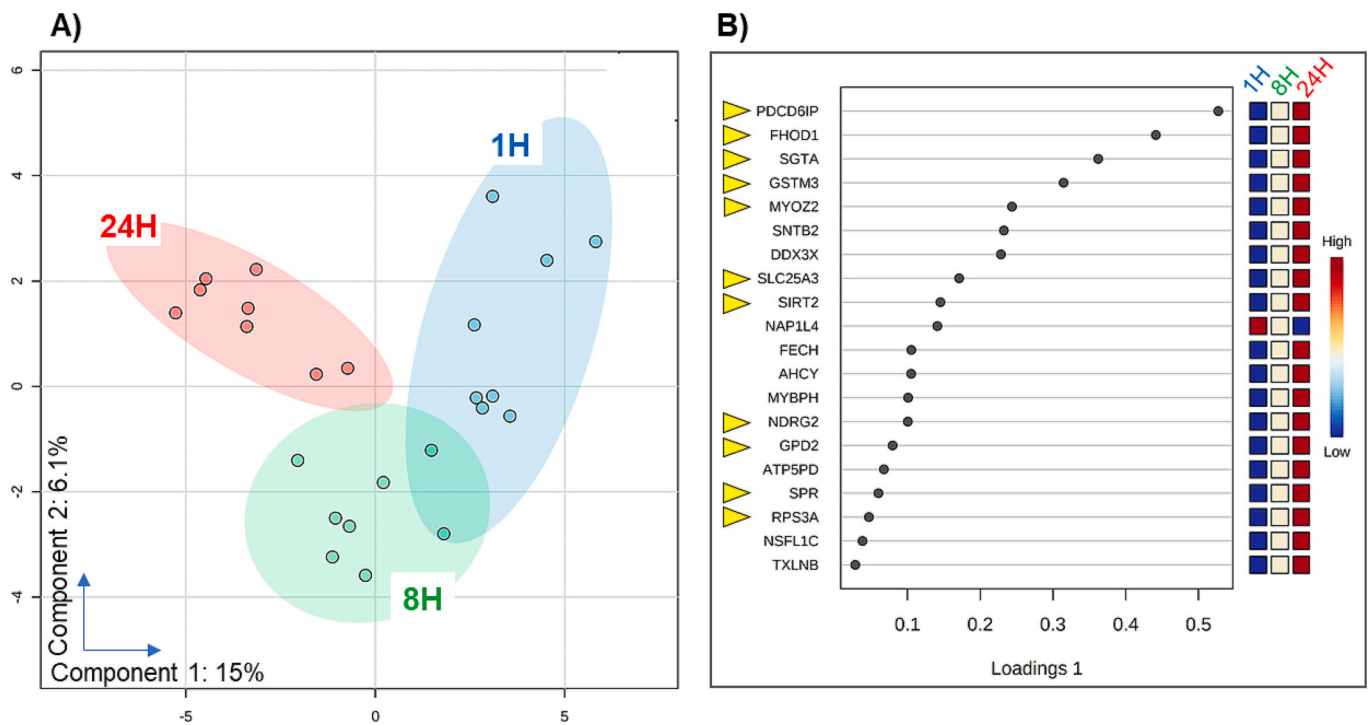


Fig. 7. Proteome changes in goat *Semitendinosus* muscle during the early post-mortem storage period. A) Sparse partial least squares-discriminant analysis (sPLS-DA) score plot of goat *Semitendinosus* muscle using the full proteome database showing the extent of discrimination of the goat muscle collected at 1, 8 and 24 h post-mortem. The circles indicate the 95% confidence level. B) The loading on component one represents the main 20 proteins behind the separation based on the variable importance in projection. The common proteins changing whatever the post-mortem sampling time are highlighted by yellow arrows. Eleven out of the 12 common proteins were retained in the sPLS-DA analysis, from which five were ranked first. (For interpretation of the references to color in this figure legend, the reader is referred to the web version of this article.)

autophagy, it is thought to function as a survival process in delaying apoptosis onset (Lum et al., 2005).

The GO enrichment analyses further evidenced the central role of energy derivation by oxidation of organic compound and peptide metabolic process pathways, followed by others related to mitochondrial transport, calcium homeostasis and regulation of apoptosis. Our findings confirmed that the conversion of muscle into meat is largely orchestrated by energy production as well as mitochondrial metabolism and homeostasis through calcium and permeability transition regulation. It is therefore not inconceivable to speculate that mitochondria as key players in the generation and regulation of cellular bioenergetics, are central to myriad events contributing to the development of meat quality (Dang et al., 2020; Gagaoua, Warner, et al., 2021; Ouali et al., 2013; Purslow et al., 2021; Sierra & Olivan, 2013).

Interestingly, the hierarchical heatmap (Fig. 4) revealed that the significant enrichment of “regulation of proteolysis”, “muscle structure development” and “muscle system process” are common features, confirming the hypothesis that proteins of structure and contraction are degraded as early as the first few hours after death, albeit in different proportions and rates (Lana & Zolla, 2016). The “vascular process in circulatory system” was the only term specifically enriched in the proteome at 1 h post-mortem, which makes sense and is consistent with residual blood flow in the first minutes or hours after the bleeding of the animal (Ouali et al., 2013). In the following sections, we discuss in-depth the functions and metabolic pathways to which certain of the differentially abundant proteins belong, some of which may be proposed as candidate biomarkers to monitor the dynamic changes in goat *Semitendinosus* muscle during the postmortem period and its final meat quality.

4.1. Pivotal role of binding, transport and calcium homeostasis pathway

The binding, transport, and calcium homeostasis pathway has been

identified as the major signature characterizing the early post-mortem modifications in goat *Semitendinosus* muscle. Overall, most of the DAPs proteins belonging to this pathway were down-regulated at 1 h post-mortem. Among the few up-regulated proteins, CASQ2 (calsequestrin-2) and STRAP (Serine-threonine kinase receptor-associated protein) were more abundant at 1 h compared with 8 h. CASQ2 is one of the most abundant calcium-binding proteins localized in the sarcoplasmic reticulum lumen, which stores calcium and modulates its homeostasis until it is needed for muscle contraction (Picard et al., 2016; Rossi et al., 2022). Calcium release and sequestration are critical mechanisms to regulate muscle contraction and relaxation (Purslow et al., 2021). Therefore, its primary role is to maintain a high amount of calcium in the sarcoplasmic reticulum (Guo et al., 2016). The pivotal role of calcium in post-mortem muscle and meat tenderization is well-known, mainly in the regulation of proteolytic enzymes and cellular metabolism (Ouali et al., 2013) and beyond that, for muscle function and plasticity (Berchtold, Brinkmeier, & Müntener, 2000). Thus, it is reasonable to propose that disruption of the sarcoplasmic reticulum membrane would increase the abundance of calcium-binding proteins since the early post-mortem. Indeed, calcium is the main regulatory and signaling molecule of skeletal muscles, therefore, its monitoring is central to understanding the rate and extent of post-mortem processes (Purslow et al., 2021). Mitochondria, a pluripotent organelle identified in this study to play a central role, is also involved in calcium homeostasis, apoptosis, and post-mortem muscle changes (Contreras, Drago, Zampese, & Pozzan, 2010; Hudson, 2012; Ouali et al., 2013). In fact, calcium overload induces intercellular stress that might damage the integrity of mitochondria, more importantly in the first hour following animal death, hence releasing cytochrome c and pro-apoptotic factors, thereby triggering the intrinsic apoptotic pathway with the consequences it might have on muscle structure degradation (England et al., 2013; Gagaoua, Terlouw, et al., 2021; Lana & Zolla, 2015, 2016; Ouali et al., 2013). Other proteins involved in calcium

homeostasis were further identified as more abundant at 1 h post-mortem compared with 24 h, namely CAMK2D, CAV1, and ATP2A2 (Table 1), all of which regulate calcium influx/release in skeletal muscles. In the context of meat quality, several proteins of this pathway were previously identified as biomarkers of different quality traits of beef (Gagaoua, Terlouw, et al., 2021; Picard & Gagaoua, 2020), lamb (Cheng et al., 2020) and pork (Hou et al., 2020), thus demonstrating their importance in meat quality determination. The higher abundance of STRAP at 1 h post-mortem further supports the important role of Serine/threonine kinases in the apoptotic processes (Cross et al., 2000).

From the down-regulated proteins at 1 h post-mortem, several are responsible for transmembrane phosphate transport (SLC25A12, TIMM44, COQ9, SLC25A12) or calcium binding (ATP1B1, ATP2A1, ATP2A2), which are pivotal in controlling the exchange of ADP/ATP across the membrane, mitochondrial permeability transition pore or cytosolic calcium ions concentration (Kwong et al., 2014). In response to apoptotic stimuli, several pro-apoptotic factors cause mitochondrial outer membrane permeability (MOMP) and form pores such as Bax/Bak, in the outer membrane, which allows the release of cytochrome *c* from its binding sites (Peña-Blanco & García-Sáez, 2018; Tait & Green, 2010). Once MOMP has been achieved, the apoptotic response is irreversibly triggered. Thus, the formation of mitochondria permeability transition pore on the membrane is the key step of this pathway, and the regulation is focused on the steps leading to MOMP, which can be suppressed or promoted by inhibitor or promoter molecules, respectively. In meat research, these pathways including the implication of membrane permeability transition pore in meat tenderization, for instance in beef and pork, has been investigated (Dang et al., 2020; Dang et al., 2022; Wang, Han, Ma, Yu, & Zhao, 2017; Zhang, Ma, & Kim, 2020).

As carrier proteins, the greater abundance of the proteins from programmed cell death pathway just after the first hour post-mortem may indicate a greater mitochondrial activity, in line with previous research, for instance in bovine muscle (Yu et al., 2018; Zhai et al., 2020). Several of the DAPs proteins such as PDCD6IP (programmed cell death 6 interacting protein) are also directly involved in apoptosis (Wang, Jin, Xia, & Chen, 2022), and found in this study to increase in abundance over time. Currently, this is the first time that PDCD6IP is identified in the post-mortem muscle proteome as related to meat tenderization. Refers to meat quality, a transcriptomic study on cattle identified PDCD6IP as a potential transcript target of variation in beef tenderness (Gonçalves et al., 2018). FHOD1 (FH1/FH2 domain-containing protein 1) is another common protein (Fig. 5), which is an important regulator of muscle cell biology and myofibrillar maintenance (Schönichen et al., 2013). FHOD1 was previously identified in one proteomics study to be related with beef texture (Zhu et al., 2021), thus proposing it as a hallmark of the cytoskeleton integrity. Finally, SIRT2 (sirtuin 2), a NAD-dependent deacetylase that primarily functions in the cytoplasm and regulates α -tubulin acetylation levels, is in this study another common protein that increases in abundance over time. SIRT2 is part of the Sirtuins family of proteins involved in the regulation of mitochondrial activity (Lombard, Tishkoff, & Bao, 2011), metabolic adaptation including glucose metabolism (Lee, Lee, Park, & Jeong, 2022) and autophagy (Han et al., 2021). Despite these different roles, nothing is yet known about Sirtuins in post-mortem skeletal muscle and meat research. The down-regulation of SIRT2 at 1 h and 8 h post-mortem might evidence less activity in membrane trafficking events. However, the knowledge available in the literature is limited to human diseases, for this reason, the role of SIRT2 in maintaining cellular homeostasis during the post-mortem period should be profoundly investigated.

4.2. Pivotal role of catalytic, metabolism & ATP metabolic process

The identification of a high number of DAPs from the energy metabolism pathway early post-mortem phase agrees with the growing body of knowledge supported by previous studies (Bjarnadottir, Hollung, Faergestad, & Veiseth-Kent, 2010; Gagaoua et al., 2020; Jia et al., 2007;

Ouali et al., 2013). Indeed, earlier proteome experiments focusing on modifications in post-mortem muscle have found that ATP is available in muscle cells through the first 24 h after animal death, mainly when part of the energy generation is still operative (Jia et al., 2007). Among the 13 DAPs identified to differ between 1 h and 8 h post-mortem, HSDL2 (hydroxysteroid dehydrogenase-like protein 2), a member of the short-chain dehydrogenases/reductases superfamily located in the mitochondria, was the only over-abundant protein at 1 h post-mortem. It has been reported that lipids, the essential regulators of cellular stabilization and metabolism, have proven to be involved in post-mortem energy production (Ouali et al., 2013). It is worth mentioning that the role of lipids is highly mediated by their binding proteins, in support of the high number of binding and transport proteins identified in this trial (Table 1 and Fig. 3). Higher abundance of lipid metabolism pathways in muscle proteome during the early post-mortem period was previously evidenced by proteomics (Yu et al., 2018; Zhai et al., 2020). HSDL2 was also recently identified as abundant in beef tenderloin muscle with lower tenderness (Li & Li, 2021). The greater abundance observed at 1 h post-mortem in the goat muscle confirms this statement. Further comparisons of the proteins changing between 1 h and 24 h revealed a greater abundance at 1 h post-mortem of GYS (glycogen [starch] synthase), an enzyme that regulates glycogen synthesis, and GOT2 (aspartate aminotransferase, mitochondrial) which plays a key role in amino acid metabolism. The greater abundance of GOT2 has been previously associated with higher oxaloacetate production and color stability in beef *Longissimus thoracis* muscle proteome (Ramanathan et al., 2021). Additionally, GOT2 has been suggested as a potential biomarker of dark-cutting beef defect (Gagaoua, Warner, et al., 2021), although contrasting results have been reported (Sentandreu et al., 2021).

Several proteins belonging to complex I, II, III, and IV, which were involved in the mitochondrial electron transport chain (UQCRCB, COX4I1, NDUFV1, NDUFA4, NDUFB8, NDUFS2, ATP5PD, and AGL) and tricarboxylic acid cycle (ACO1, FH and IDH3B) were found to be down-regulated in goat proteome at 1 h compared to 8 h and 24 h post-mortem. Usually, the greater abundance of mitochondria electron transport proteins, due to their relationship to the increase of calcium concentration (Wu et al., 2020; Yang et al., 2018), is associated with greater proteases activity and post-mortem proteolytic processes (Gagaoua, Terlouw, et al., 2021; Ouali et al., 2013). In the context of early post-mortem time, different proteins involved in the oxidative phosphorylation system (OXPHOS) were recently identified in beef as less abundant after 6 h post-mortem (Ding, Wei, Liu, Zhang, & Huang, 2022). Refers to goat muscle proteome, proteins related to the electron transport chain were previously identified as related to meat quality (Wei, Li, Zhang, & Liu, 2019) or frozen meat quality (Jia et al., 2021), while, to the best of our knowledge, this is the first time that is related to early post-mortem processes. However, the up-regulation, over post-mortem time, would reflect the mechanism of maintaining homeostasis or struggle to survive in muscle cells (Ji, Liu, & Luo, 2022).

Taken all together, the goat muscle proteome changes during the early post-mortem is accompanied by a shift in post-mortem muscle energy metabolism towards several energy pathways whether they are from the glycolytic or aerobic oxidative energy yielding phases. These findings are in line with the recognized knowledge of the role that plays metabolites, enzymes, and enzyme activity in post-mortem muscle metabolism, and their impact on ultimate meat quality (England et al., 2013; Matarneh et al., 2023; Wicks et al., 2022). Finally, the changing enzymes in this trial might be explained by the aim of replenishing the ATP levels in the muscle in an attempt of maintaining muscle in a relaxed state (Jia, Hildrum, et al., 2006).

4.3. Muscle contraction, structure and associated proteins including extracellular matrix

During post-mortem time, apoptosis can affect skeletal muscle integrity through the modulation of calcium flow with implications on

muscle ultrastructural changes, hence playing a pivotal role in the determination of final meat quality (Gagaoua, Terlouw, et al., 2021; Gagaoua, Troy, & Mullen, 2021; Warner et al., 2021). The disruption of sarcoplasmic reticulum might increase sarcoplasmic calcium concentrations, activating the endogenous proteases such as calpains and caspases to promote proteolysis. The hydrolysis of the muscle membranes by these proteases significantly damages the integrity of the cytoskeleton and permeability of the cell membrane, which is involved in meat tenderization. Among the differentially abundant proteins, MYOZ3, an actinin and gamma-filamin binding was the only protein abundant at 1 h post-mortem. MYOZ3 is mainly expressed in fast-twitch muscle fibers, that participate in the calcium-mediated signal pathways thereby regulating muscle fiber differentiation and meat tenderness determination (Zhu, Gagaoua, Mullen, Viala, et al., 2021). Generally, members of the myozenin family, due to their ability to interact with troponin and myotilin in the skeletal muscle Z-disks, are associated with the disorganization of sarcomere during the post-mortem period (D'Alessandro & Zolla, 2013) and members were proposed as biomarkers of beef tenderness (Gagaoua, Terlouw, et al., 2021).

Structural proteins composing the thick (MYBPH, MYH6 and MYH7B) and thin filaments (ACTC1, TNNC1, TNNI1, TNNI2, TPM3, TUBA8, and VCL) of sarcomere were found to be less abundant at 1 h post-mortem in accordance with the large number of studies proposing them as sensitive targets to monitor the complex biochemical processes taking place during the post-mortem phase (Gagaoua, Terlouw, et al., 2021; Gagaoua, Troy, & Mullen, 2021; Hopkins & Geesink, 2009; Hughes et al., 2014; Lana & Zolla, 2016). It is well known that myosin-binding proteins may play a modulatory role in the regulation of actin-myosin interaction, thus affecting calcium sensitivity (Taylor et al., 1995); consequently, their variation in abundance can reflect apoptosis onset (Gagaoua, Troy, & Mullen, 2021). Among the proteins and in agreement with our findings, a study on beef reported a lower MYBPH abundance at 45 min post-mortem in the *Longissimus thoracis* muscle of young bulls as related to both earlier fragmentation and faster early post-mortem metabolism (Gagaoua et al., 2015). TNNC1, a calcium-binding subunit of the myofibril thin filament, plays a fundamental role in regulating the excitation-contraction of striated skeletal muscle (Hopkins & Geesink, 2009; Hopkins & Thompson, 2001). In this study, lower amounts of TNNC1 at 1 h post-mortem is in agreement with recent proteomics studies (Ding et al., 2022), which reported down-regulation in the bovine muscle just after slaughter compared to 24 h, thus confirming its involvement in the ageing process. Refers to goat muscle proteome and/or phosphoproteome studies, several of the above myosins and regulatory proteins were identified as changing proteins with associations with meat quality (Gu et al., 2020; Wei et al., 2019).

The extracellular matrix proteins (ECM) of skeletal muscles also known as the matrisome, is a complex meshwork consisting of collagens, glycoproteins, proteoglycans, and elastin (Halper & Kjaer, 2014). Two proteins (LAMB1 and LAMC1), belonging to the glycoproteins family of laminins, were down-regulated at 1 h post-mortem. Laminins are non-collagen components ensuring the connection of costameres and integrins, which are sarcolemmal membrane-bound protein structures aligned in register with the Z-disks of myofibrils (Csapo, Gumpenberger, & Wessner, 2020). Based on this statement, the less abundance of laminins found at 1 h in goat muscle could demonstrate a lower release of ECM glycoproteins, thus confirming that the biochemical processes that affect the degradation of skeletal muscle occur after 24 h post-mortem. However, at present, this is the first study that evidenced the involvement of matrisome proteins in the muscle-to-meat conversion period, for this reason, further research are needed using appropriate methods to clarify their role in goat meat quality determination.

4.4. Response to stress: interplay of protein folding and oxidative stress

Exsanguination that occurs in the first hours after slaughter causes oxidative damage to post-mortem muscle cells and leads to subsequent

antioxidant response, such as autophagy (Lum et al., 2005). Furthermore, the oxidative stress caused by lipid and protein damages are found to account for the occurrence of autophagy in the post-mortem muscle, which afterward affects the post-mortem metabolism and meat quality (Gagaoua, Monteils, & Picard, 2018; Lana & Zolla, 2015; Sierra & Oliván, 2013). In this study and among the up-regulated cellular defense and stress proteins at 1 h post-mortem, GLO1 (lactoylglutathione lyase) was previously identified in cattle muscle (Yu et al., 2018), although no significant differences were observed throughout the post-mortem times (1, 12, and 24 h). GLO1 is an enzyme that participates in the process of anti-apoptosis. In this study, the higher abundance at 1 h post-mortem in goat *Semitendinosus* muscle, indicates that greater enzyme activity and consequently more protection for muscle cells occurred. Most important in this study and in coherence with the important role of apoptosis in the post-mortem processes, a lower abundance of antioxidant proteins (GSTP1, PRDX6, TXN, and PARK7) and heat shock proteins (HSPB1, HSPE1, and HSPB7) was found in the goat proteome at 1 h suggesting that oxidative stress and response to stress through molecular chaperones may be involved at moderate intensity in the first hours' post-mortem. In accordance with our findings, GSTP1, a reductant tripeptide involved in cellular detoxification and resistance to oxidative stress, was identified as over-abundant during meat storage (Zhang et al., 2013; Zhang et al., 2020).

Among the peroxiredoxin members, PRDX6 is an antioxidant enzyme able to repair membrane damage caused by oxidative stress and prevent cells from apoptosis and autophagy cell-deaths by scavenging ROS (Fisher, 2017). In accordance with our findings, earlier proteomics studies in cattle muscle reported an increase from 10 to 24 h in the abundance of different peroxiredoxin members during the early post-mortem period (Jia et al., 2007). The greater abundance of PRDX6 was usually associated with muscle undergoing less oxidative stress, either in the living animals or the muscle post-mortem (Gagaoua, Terlouw, et al., 2021). In the context of goat muscle proteome, PRDX6 was found less abundant early post-mortem in Hengshan goat meat that has greater redness indicating delayed oxidation processes related to meat discoloration (Jia et al., 2021). Recently, in the integromics meta-analyses studies conducted by Gagaoua and co-workers, several peroxiredoxins including PRDX6 were found as robust biomarkers of beef tenderness and color (Gagaoua et al., 2020; Gagaoua, Terlouw, et al., 2021). In support of the above, PARK7 (parkinson disease protein 7), known also as DJ-1, is another antioxidant chaperone that plays determinant roles in preventing protein aggregation and denaturation (Rønning et al., 2017). It was here down-regulated at 1 h compared with 24 h, confirming that oxidative processes may occur later.

Finally, recent proteomics research has associated a series of heat shock proteins (HSPs) with meat quality attributes (Gagaoua et al., 2020; Gagaoua, Terlouw, et al., 2021; Lomiwes, Farouk, Frost, Dobbie, & Young, 2013). HSPs play a determinant role in stress resistance by restoring proteins altered by external stimulus thus assuming a fundamental role in controlling the onset of apoptosis and post-mortem proteolytic processes (Lomiwes et al., 2013; Ouali et al., 2013; Picard & Gagaoua, 2020; Purslow et al., 2021). Studies on goat reported less abundance of small heat shock proteins, like HSPB1 and HSPB7, indicating greater apoptotic status in post-mortem skeletal muscle (Liu et al., 2018; Wang et al., 2016). Our evidence in goat muscle proteome during the early post-mortem time, support previous findings and confirm that HSPs could be effective candidate biomarkers to monitor the morphological and physiological mitochondrial function and regulation of apoptosis.

4.5. Proteolysis and first insights on the involvement of ribosomal proteins

Among the serine protease inhibitors from the serpins superfamily grouped in this study in the proteolysis pathway, only SERPINA3 was previously identified as a target for apoptosis regulation in post-mortem muscle (Gagaoua, Hafid, Boudida, et al., 2015; Zhu, Gagaoua, Mullen,

Kelly, et al., 2021), while, the explicit relationship of SERPINB1, SERPINF1 and muscle-to-meat conversion processes have not been reported yet. In this study, SERPINA3 was more abundant at 1 h post-mortem, whereas SERPINB1 and SERPINF1 were down-regulated. The former is known to play an anti-inflammatory role and is associated to stress (Gettins, 2002). In goat muscle, further studies are needed to better understand the role of serpins in muscle to meat conversion, including in the apoptotic processes. Very few studies reported serpins in the muscle proteome of small ruminants (della Malva et al., 2023; Zhao et al., 2022), and our study is the first time to relate them to the biochemical processes taking place in the early post-mortem time of goat muscle. Therefore, our evidence highlights that there is a need to elucidate the dynamic changes of this important superfamily of proteins in meat tenderization.

Several members of the ubiquitin–proteasome pathway were further found to be involved in the conversion of goat post-mortem muscle into meat (Table 1: PSMA3, PSMA4, PSMD3, PSMD4, PSMD5, and UCHL3), with a specific enriched GO term “proteasome-mediated ubiquitin-dependent protein catabolic process” whatever the post-mortem time (Fig. 6). More importantly, the central GO network evidenced interaction of this GO term with both “autophagy” and “positive regulation of apoptotic process”, supporting the pivotal role of proteolysis in the post-mortem degradation of muscle proteins, response to oxidative stress and cell death (Shang & Taylor, 2011). The proteasome is a multicatalytic proteinase complex that can degrade proteins in the cytosol and nucleus, with the 20S multicatalytic structure of the 26S proteasomes having an efficient proteolytic activity (Goll, Neti, Mares, & Thompson, 2008), evidenced by earlier studies on myofibrillar structures such as myosin, nebulin, actin and tropomyosin (Robert, Briand, Taylor, & Briand, 1999; Taylor et al., 1995). It is worthy to mention that proteasome complex has the capacity to degrade both sarcoplasmic and myofibrillar proteins, but in an energy-dependent manner (Collins & Goldberg, 2017), which means that the degradation of ubiquitinated proteins by 26S proteasomes requires ATP hydrolysis. In this study and among the 12 common proteins, ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase isozyme L3 (UCHL3) as one of the isozymes of ubiquitin C-terminal hydrolases with the de-ubiquitinating function, was increasing in abundance by increasing post-mortem time (Fig. 5C). It is well-known that the ubiquitin system is able to regulate numerous cellular processes such as signal transduction, protein quality control, cell cycle progression, transcriptional regulation, and growth control, and the role of ubiquitination in most of these processes is to promote the degradation of specific proteins (Amerik & Hochstrasser, 2004). The low abundance of UCHL3 early post-mortem could increase protein degradation and fatty acid oxidation, which in turn may play a pivotal role in the tenderization process. Targeted studies on this UCHL3 and related pathways are needed to better understand its post-mortem roles and relation with meat quality determination.

In this study, we further evidenced for the first time the involvement of ribosomal proteins as another relevant observation in goat post-mortem muscle, signifying that several proteins experiencing changes during storage, also undergo splicing modifications, which is for instance a mechanism known for mitochondrial proteins (Pan, Shai, Lee, Frey, & Blencowe, 2008). This suggests a resilient response of post-mortem muscle cells to energy deprivation (Ubaida-Mohien et al., 2019), essential for energy-demanding cell-death processes such as autophagy and apoptosis (Ouali et al., 2013), both of which were significantly enriched in the goat muscle proteome (Fig. 6). Indeed, after slaughter and exsanguination, skeletal muscle cells are confronting hypoxia/ischemia that can induce the activation of apoptosis (Gagaoua, Terlouw, Boudjellal, & Picard, 2015; Longo, Lana, Bottero, & Zolla, 2015). Hallmarks of apoptosis, such as DNA fragmentation, condensation of chromatin, actin degradation, formation of apoptotic bodies as well as activation of caspases are detected in muscles during the post-mortem storage period (Gagaoua, Hafid, Boudida, et al., 2015; Longo et al., 2015; Ouali et al., 2013).

5. Conclusions

This study revealed important insights regarding the dynamic changes that occur in early post-mortem of goat *Semitendinosus* muscle, and particularly, validate the possibility of using specific pathways to analyze/monitor the biological mechanisms underpinning the conversion of muscle into meat. Thanks to the in-depth bioinformatics analyses and a new approach in studying meat tenderization by means of temporal shotgun proteomics, we evidenced for the first time the dynamic time-course changes and molecular signatures underpinning the conversion of goat muscle into meat. Twelve proteins (FHOD1, PDCD6IP, SIRT2, SLC25A3, GPD2, SPR, UCHL3, RPS3A, SGTA, MYOZ2, GSTM3, and NDRG2) were changing in their abundance throughout the storage period, from 1 h until 24 h post-mortem. Eleven of these proteins are suggested as candidate biomarkers to monitor the changes taking place in the goat muscle proteome during the tenderization phase. In this study, we revealed that energy metabolism and skeletal muscle structure and contraction pathways are significantly involved throughout the early post-mortem period. Moreover, it is interesting to underline that proteins involved in the tricarboxylic acid (TCA) cycle, mitochondrial calcium ion homeostasis, positive regulation of apoptotic process, and autophagy contributed to shed light on the type of complex biochemical changes taking place between 1 and 24 h post-mortem in goat muscle. Most of the discussion of this study is based on studies where animals were slaughtered non-religiously; however, the slaughtering method (religious slaughtering in our case) and differences that can be involved as recently reported for sheep (Kiran et al., 2019), could impact the extent of the differences observed in this trial and thus the interpretation made in terms of muscle-to-meat conversion and muscle proteome changes. Further studies are needed to address this specific question using for instance a shotgun proteomics approach and an adapted trial to capture the similarities and differences.

CRedit authorship contribution statement

Melisa Lamri: Methodology, Software, Formal analysis, Investigation, Resources, Data curation, Visualization, Writing – original draft. **Antonella della Malva:** Methodology, Software, Formal analysis, Data curation, Visualization, Writing – original draft, Writing – review & editing. **Djamel Djenane:** Writing – review & editing. **Marzia Albenzio:** Writing – review & editing. **Mohammed Gagaoua:** Conceptualization, Methodology, Software, Validation, Formal analysis, Investigation, Resources, Data curation, Visualization, Supervision, Project administration, Funding acquisition, Writing – original draft, Writing – review & editing.

Declaration of Competing Interest

No potential conflict of interest was reported by the authors.

Data availability

Data will be made available on request.

Acknowledgements

The authors would like to thank the farmers and slaughterers for helping in the identification of the animals, slaughtering and muscle/meat sampling.

Appendix A. Supplementary data

Supplementary data to this article can be found online at <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2023.109207>.

References

- Amerik, A. Y., & Hochstrasser, M. (2004). Mechanism and function of deubiquitinating enzymes. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Molecular Cell Research*, 1695(1), 189–207. <https://doi.org/10.1016/j.bbamcr.2004.10.003>
- Berchtold, M. W., Brinkmeier, H., & Müntener, M. (2000). Calcium ion in skeletal muscle: Its crucial role for muscle function, plasticity, and disease. *Physiological Reviews*, 80(3), 1215–1265. <https://doi.org/10.1152/physrev.2000.80.3.1215>
- Bjarnadottir, S. G., Hollung, K., Faergestad, E. M., & Veiseth-Kent, E. (2010). Proteome changes in bovine longissimus thoracis muscle during the first 48 h postmortem: Shifts in energy status and myofibrillar stability. [research support, non-U.S. Gov't]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 58(12), 7408–7414. <https://doi.org/10.1021/jf100697h>
- Bouley, J., Chambon, C., & Picard, B. (2004). Mapping of bovine skeletal muscle proteins using two-dimensional gel electrophoresis and mass spectrometry. *Proteomics*, 4(6), 1811–1824.
- Bradford, M. M. (1976). A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. [research support, U.S. Gov't, P.H.S.]. *Analytical Biochemistry*, 72, 248–254.
- Cheng, S., Wang, X., Yang, Q., Yang, L., Shi, J., & Zhang, Q. (2020). Comparative analysis of longissimus dorsi tissue from two sheep groups identifies differentially expressed genes related to growth, development and meat quality. *Genomics*, 112(5), 3322–3330. <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2020.06.011>
- Collins, G. A., & Goldberg, A. L. (2017). The logic of the 26S proteasome. *Cell*, 169(5), 792–806. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2017.04.023>
- Contreras, L., Drago, I., Zampese, E., & Pozzan, T. (2010). Mitochondria: The calcium connection. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Bioenergetics*, 1797(6), 607–618. <https://doi.org/10.1016/j.bbabi.2010.05.005>
- Cross, T. G., Scheel-Toellner, D., Henriquez, N. V., Deacon, E., Salmon, M., & Lord, J. M. (2000). Serine/threonine protein kinases and apoptosis. *Experimental Cell Research*, 256(1), 34–41. <https://doi.org/10.1006/excr.2000.4836>
- Csapo, R., Gumpenberger, M., & Wessner, B. (2020). Skeletal muscle extracellular matrix – What do we know about its composition, regulation, and physiological roles? A narrative review. [review]. *Frontiers in Physiology*, 11.
- D'Alessandro, A., & Zolla, L. (2013). Meat science: From proteomics to integrated omics towards system biology. *Journal of Proteomics*, 78, 558–577. <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2012.10.023>
- Dang, D. S., Buhler, J. F., Davis, H. T., Thornton, K. J., Scheffler, T. L., & Matarneh, S. K. (2020). Inhibition of mitochondrial calcium uniporter enhances postmortem proteolysis and tenderness in beef cattle. *Meat Science*, 162, 108039. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2019.108039>
- Dang, D. S., Stafford, C. D., Taylor, M. J., Buhler, J. F., Thornton, K. J., & Matarneh, S. K. (2022). Ultrasonication of beef improves calpain-1 autolysis and caspase-3 activity by elevating cytosolic calcium and inducing mitochondrial dysfunction. *Meat Science*, 183, 108646. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2021.108646>
- della Malva, A., Gagaoua, M., Santillo, A., De Palo, P., Sevi, A., & Albenzio, M. (2022). First insights about the underlying mechanisms of Martina Franca donkey meat tenderization during aging: A proteomic approach. *Meat Science*, 193, 108925. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2022.108925>
- della Malva, A., Maggolino, A., De Palo, P., Albenzio, M., Lorenzo, J. M., Sevi, A., & Marino, R. (2022). Proteomic analysis to understand the relationship between the sarcoplasmic protein patterns and meat organoleptic characteristics in different horse muscles during aging. *Meat Science*, 184, 108686. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2021.108686>
- della Malva, A., Santillo, A., Priolo, A., Marino, R., Ciliberti, M. G., Sevi, A., & Albenzio, M. (2023). Effect of hazelnut skin by-product supplementation in lambs' diets: Implications on plasma and muscle proteomes and first insights on the underlying mechanisms. *Journal of Proteomics*, 271, 104757. <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2022.104757>
- Di Luca, A., Ianni, A., Bennato, F., Henry, M., Meleady, P., & Martino, G. (2022). A label-free quantitative analysis for the search of proteomic differences between goat breeds. *Animals*, 12(23), 3336.
- Ding, Z., Wei, Q., Liu, C., Zhang, H., & Huang, F. (2022). The quality changes and proteomic analysis of cattle muscle postmortem during rigor mortis. *Foods*, 11(2), 217.
- England, E. M., Scheffler, T. L., Kasten, S. C., Matarneh, S. K., & Gerrard, D. E. (2013). Exploring the unknowns involved in the transformation of muscle to meat. *Meat Science*, 95(4), 837–843. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2013.04.031>
- Fisher, A. B. (2017). Peroxiredoxin 6 in the repair of peroxidized cell membranes and cell signaling. *Archives of Biochemistry and Biophysics*, 617, 68–83. <https://doi.org/10.1016/j.abb.2016.12.003>
- Gagaoua, M., Bonnet, M., De Koning, L., & Picard, B. (2018). Reverse phase protein array for the quantification and validation of protein biomarkers of beef qualities: The case of meat color from Charolais breed. *Meat Science*, 145, 308–319. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2018.06.039>
- Gagaoua, M., Bonnet, M., Ellies-Oury, M. P., De Koning, L., & Picard, B. (2018). Reverse phase protein arrays for the identification/validation of biomarkers of beef texture and their use for early classification of carcasses. *Food Chemistry*, 250(C), 245–252. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2018.01.070>
- Gagaoua, M., Duffy, G., Álvarez García, C., Burgess, C., Hamill, R., Crofton, E. C., ... Troy, D. (2022). Current research and emerging tools to improve fresh red meat quality. *Irish Journal of Agricultural and Food Research*. <https://doi.org/10.15212/ijafar-2020-0141>
- Gagaoua, M., Hafid, K., Boudida, Y., Becila, S., Ouali, A., Picard, B., ... Sentandreu, M. A. (2015). Caspases and thrombin activity regulation by specific serpin inhibitors in bovine skeletal muscle. *Applied Biochemistry and Biotechnology*, 177(2), 279–303. <https://doi.org/10.1007/s12010-015-1762-4>
- Gagaoua, M., Hughes, J., Terlouw, E. M. C., Warner, R. D., Purslow, P. P., Lorenzo, J. M., & Picard, B. (2020). Proteomic biomarkers of beef colour. *Trends in Food Science & Technology*, 101, 234–252. <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2020.05.005>
- Gagaoua, M., Monteils, V., & Picard, B. (2018). Data from the farmgate-to-meat continuum including omics-based biomarkers to better understand the variability of beef tenderness: An integrative approach. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 66(51), 13552–13563. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.8b05744>
- Gagaoua, M., & Picard, B. (2022). Chapter 14 - Proteomics to explain and predict meat quality. In P. Purslow (Ed.), *New aspects of meat quality* (2nd ed., pp. 393–431). Woodhead Publishing.
- Gagaoua, M., Schilling, W. M., Zhang, X., & Suman, S. P. (2022). *Applications of proteomics in meat research reference module in food science*. Elsevier.
- Gagaoua, M., Terlouw, E. M. C., Boudjellal, A., & Picard, B. (2015). Coherent correlation networks among protein biomarkers of beef tenderness: What they reveal. *Journal of Proteomics*, 128, 365–374. <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2015.08.022>
- Gagaoua, M., Terlouw, E. M. C., Micol, D., Boudjellal, A., Hocquette, J. F., & Picard, B. (2015). Understanding early post-mortem biochemical processes underlying meat color and pH decline in the longissimus thoracis muscle of young blond d'aquitaine bulls using protein biomarkers. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 63(30), 6799–6809. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.5b02615>
- Gagaoua, M., Terlouw, E. M. C., Mullen, A. M., Franco, D., Warner, R. D., Lorenzo, J. M., ... Picard, B. (2021). Molecular signatures of beef tenderness: Underlying mechanisms based on integrative omics of protein biomarkers from multi-platform proteomics studies. *Meat Science*, 172, 108311. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2020.108311>
- Gagaoua, M., Troy, D., & Mullen, A. M. (2021). The extent and rate of the appearance of the major 110 and 30 kDa proteolytic fragments during post-mortem aging of beef depend on the glycolysis rate of the muscle and aging time: An LC-MS/MS approach to decipher their proteome and associated pathways. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 69(1), 602–614. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.0c06485>
- Gagaoua, M., Warner, R. D., Purslow, P., Ramanathan, R., Mullen, A. M., López-Pedrouso, M., ... Terlouw, E. M. C. (2021). Dark-cutting beef: A brief review and an integrative meta-analysis at the proteome level to decipher the underlying pathways. *Meat Science*, 181, 108611. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2021.108611>
- Gettins, P. G. (2002). Serpin structure, mechanism, and function. [research support, U.S. Gov't, P.H.S. review]. *Chemical Reviews*, 102(12), 4751–4804. <https://doi.org/10.1021/cr010170+>
- Goll, D., Neti, G., Mares, S., & Thompson, V. (2008). Myofibrillar protein turnover: The proteasome and the calpains. *Journal of Animal Science*, 86(14 suppl), E19–E35.
- Gonçalves, T. M., de Almeida Regitano, L. C., Koltes, J. E., Cesar, A. S. M., da Silva Andrade, S. C., Mourão, G. B., ... Coutinho, L. L. (2018). Gene co-expression analysis indicates potential pathways and regulators of beef tenderness in Nelore cattle. [original research]. *Frontiers in Genetics*, 9. <https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00441>
- Gu, M., Wei, Y., Zhang, D., & Liu, Y. (2020). iTRAQ based proteomic profile analysis for goat longissimus thoracis under repeated freeze-thaw treatments. *LWT*, 134, 109934. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2020.109934>
- Guo, B., Zhang, W., Tume, R. K., Hudson, N. J., Huang, F., Yin, Y., & Zhou, G. (2016). Disorder of endoplasmic reticulum calcium channel components is associated with the increased apoptotic potential in pale, soft, exudative pork. *Meat Science*, 115, 34–40. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2016.01.003>
- Halper, J., & Kjaer, M. (2014). Basic components of connective tissues and extracellular matrix: Elastin, fibrillin, fibulins, fibrinogen, fibronectin, laminin, tenascins and thrombospondins. In J. Halper (Ed.), *Progress in heritable soft connective tissue diseases* (pp. 31–47). Dordrecht: Springer Netherlands.
- Han, Z., Chang, C., Zhu, W., Zhang, Y., Zheng, J., Kang, X., ... Gong, Z. (2021). Role of SIRT2 in regulating the dexamethasone-activated autophagy pathway in skeletal muscle atrophy. *Biochemistry and Cell Biology*, 99(5), 562–569. <https://doi.org/10.1139/bcb-2020-0445>
- Hopkins, D. L., & Ertbjerg, P. (2023). Chapter 12 - The eating quality of meat: II—Tenderness. In F. Toldrá (Ed.), *Lawrie's meat science* (9th ed., pp. 393–420). Woodhead Publishing.
- Hopkins, D. L., & Geesink, G. (2009). Protein degradation post mortem and tenderisation. In *Applied muscle biology and meat science* (pp. 149–173).
- Hopkins, D. L., & Thompson, J. M. (2001). The relationship between tenderness, proteolysis, muscle contraction and dissociation of actomyosin. *Meat Science*, 57(1), 1–12. [https://doi.org/10.1016/s0309-1740\(00\)00065-6](https://doi.org/10.1016/s0309-1740(00)00065-6)
- Hou, X., Liu, Q., Meng, Q., Wang, L., Yan, H., Zhang, L., & Wang, L. (2020). TMT-based quantitative proteomic analysis of porcine muscle associated with postmortem meat quality. *Food Chemistry*, 328, 127133. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2020.127133>
- Hudson, N. J. (2012). Mitochondrial treason: A driver of pH decline rate in post-mortem muscle? *Animal Production Science*, 52(12), 1107. <https://doi.org/10.1071/an12171>
- Hughes, J., Oiseth, S. K., Purslow, P. P., & Warner, R. D. (2014). A structural approach to understanding the interactions between colour, water-holding capacity and tenderness. *Meat Science*, 98(3), 520–532. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2014.05.022>
- Ji, C., Liu, J., & Luo, R. (2022). Regulatory role of mitochondrial genes in the tenderisation of lamb meat during postmortem ageing. *International Journal of Food Science & Technology*, 57(6), 3544–3555. <https://doi.org/10.1111/ijfs.15678>
- Jia, W., Zhang, R., Liu, L., Zhu, Z., Xu, M., & Shi, L. (2021). Molecular mechanism of protein dynamic change for Hengshan goat meat during freezing storage based on

- high-throughput proteomics. *Food Research International*, 143, 110289. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2021.110289>
- Jia, X., Ekman, M., Grove, H., Faergestad, E. M., Aass, L., Hildrum, K. I., & Hollung, K. (2007). Proteome changes in bovine longissimus thoracis muscle during the early postmortem storage period. [research support, non-U.S. Gov't]. *Journal of Proteome Research*, 6(7), 2720–2731. <https://doi.org/10.1021/pr070173o>
- Jia, X., Hildrum, K. I., Westad, F., Kummen, E., Aass, L., & Hollung, K. (2006). Changes in enzymes associated with energy metabolism during the early post mortem period in longissimus thoracis bovine muscle analyzed by proteomics. *Journal of Proteome Research*, 5(7), 1763–1769. <https://doi.org/10.1021/pr060119s>
- Jia, X., Hollung, K., Therkildsen, M., Hildrum, K. I., & Bendixen, E. (2006). Proteome analysis of early post-mortem changes in two bovine muscle types: *M. longissimus dorsi* and *M. semitendinosus*. [comparative study research support, non-U S Gov't]. *Proteomics*, 6(3), 936–944. <https://doi.org/10.1002/pmic.200500249>
- Kemp, C. M., Sensky, P. L., Bardsley, R. G., Buttery, P. J., & Parr, T. (2010). Tenderness—an enzymatic view. [review]. *Meat Science*, 84(2), 248–256. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2009.06.008>
- Kiran, M., Naveena, B. M., Smrutirekha, M., Baswa Reddy, P., Rituparna, B., Praveen Kumar, Y., ... Rapole, S. (2019). Traditional halal slaughter without stunning versus slaughter with electrical stunning of sheep (*Ovis aries*). *Meat Science*, 148, 127–136. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2018.10.011>
- Kiyimba, F., Gagaoua, M., Suman, S. P., Mafi, G. G., & Ramanathan, R. (2022). *Bioinformatics: In-depth analyses of omics data in the field of muscle biology and meat biochemistry reference module in food science*. Elsevier.
- Kwong, J. Q., Davis, J., Baines, C. P., Sargent, M. A., Karch, J., Wang, X., ... Molkentin, J. D. (2014). Genetic deletion of the mitochondrial phosphate carrier desensitizes the mitochondrial permeability transition pore and causes cardiomyopathy. *Cell Death and Differentiation*, 21(8), 1209–1217. <https://doi.org/10.1038/cdd.2014.36>
- Lamri, M., della Malva, A., Djenane, D., López-Pedrouso, M., Franco, D., Albenzio, M., ... Gagaoua, M. (2023). Towards the discovery of goat meat quality biomarkers using label-free proteomics. *Journal of Proteomics*, 278, 104868. <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2023.104868>
- Lamri, M., Djenane, D., & Gagaoua, M. (2022). Goat meat consumption patterns and preferences in three provinces of Kabylia region in Algeria compared to other meat species: Results of an online survey. *Meat Technology*, 63(2), 96–108.
- Lana, A., & Zolla, L. (2015). Apoptosis or autophagy, that is the question: Two ways for muscle sacrifice towards meat. *Trends in Food Science & Technology*, 46(2), 231–241. <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2015.10.001>
- Lana, A., & Zolla, L. (2016). Proteolysis in meat tenderization from the point of view of each single protein: A proteomic perspective. [review]. *Journal of Proteomics*, 147, 85–97. <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2016.02.011>
- Laville, E., Sayd, T., Morzel, M., Blinet, S., Chambon, C., Lepetit, J., ... Hocquette, J. F. (2009). Proteome changes during meat aging in tough and tender beef suggest the importance of apoptosis and protein solubility for beef aging and tenderization. [research support, non-U.S. Gov't]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 57(22), 10755–10764. <https://doi.org/10.1021/jf901949r>
- Lé Cao, K.-A., Boitard, S., & Besse, P. (2011). Sparse PLS discriminant analysis: Biologically relevant feature selection and graphical displays for multiclass problems. *BMC Bioinformatics*, 12(1), 253. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-12-253>
- Lee, E.-J., Lee, M.-M., Park, S., & Jeong, K.-S. (2022). Sirt2 positively regulates muscle regeneration after Notexin-induced muscle injury. *Experimental and Molecular Pathology*, 127, 104798. <https://doi.org/10.1016/j.yexmp.2022.104798>
- Li, S., & Li, C. (2021). Proteomics discovery of protein biomarkers linked to yak meat tenderness as determined by label-free mass spectrometry. *Animal Science Journal*, 92(1), Article e13669. <https://doi.org/10.1111/asj.13669>
- Liu, M., Wei, Y., Li, X., Quek, S. Y., Zhao, J., Zhong, H., ... Liu, Y. (2018). Quantitative phosphoproteomic analysis of caprine muscle with high and low meat quality. *Meat Science*, 141, 103–111. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2018.01.001>
- Lombard, D. B., Tishkoff, D. X., & Bao, J. (2011). Mitochondrial sirtuins in the regulation of mitochondrial activity and metabolic adaptation. In T.-P. Yao, & E. Seto (Eds.), *Histone deacetylases: The biology and clinical implication* (pp. 163–188). Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg.
- Lomiwes, D., Farouk, M. M., Frost, D. A., Dobbie, P. M., & Young, O. A. (2013). Small heat shock proteins and toughness in intermediate pHu beef. *Meat Science*, 95(3), 472–479. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2013.05.022>
- Longo, V., Lana, A., Bottero, M. T., & Zolla, L. (2015). Apoptosis in muscle-to-meat aging process: The omic witness. *Journal of Proteomics*, 125, 29–40. <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2015.04.023>
- López-Pedrouso, M., Lorenzo, J. M., Gagaoua, M., & Franco, D. (2020). Application of proteomic technologies to assess the quality of raw pork and pork products: An overview from farm-to-fork. *Biology*, 9(11), 393.
- Lum, J. J., Bauer, D. E., Kong, M., Harris, M. H., Li, C., Lindsten, T., & Thompson, C. B. (2005). Growth factor regulation of autophagy and cell survival in the absence of apoptosis. *Cell*, 120(2), 237–248. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2004.11.046>
- Malheiros, J. M., Braga, C. P., Grove, R. A., Ribeiro, F. A., Calkins, C. R., Adamec, J., & Chardulo, L. A. L. (2019). Influence of oxidative damage to proteins on meat tenderness using a proteomics approach. *Meat Science*, 148, 64–71. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2018.08.016>
- Matarnesh, S. K., Scheffler, T. L., & Gerrard, D. E. (2023). Chapter 5 - The conversion of muscle to meat. In F. Toldrá (Ed.), *Lawrie's meat science* (9th ed., pp. 159–194). Woodhead Publishing.
- Mazhangara, I. R., Chivandi, E., Mupangwa, J. F., & Muchenje, V. (2019). The potential of goat meat in the red meat industry. *Sustainability*, 11(13), 3671.
- Munekata, P. E. S., Pateiro, M., López-Pedrouso, M., Gagaoua, M., & Lorenzo, J. M. (2021). Foodomics in meat quality. *Current Opinion in Food Science*, 38, 79–85. <https://doi.org/10.1016/j.cofs.2020.10.003>
- Ouali, A. (1990). Meat tenderization: Possible causes and mechanisms. A review. *Journal of Muscle Foods*, 1(2), 129–165. <https://doi.org/10.1111/j.1745-4573.1990.tb00360.x>
- Ouali, A., Gagaoua, M., Boudida, Y., Becila, S., Boudjellal, A., Herrera-Mendez, C. H., & Sentandreu, M. A. (2013). Biomarkers of meat tenderness: Present knowledge and perspectives in regards to our current understanding of the mechanisms involved. *Meat Science*, 95(4), 854–870. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2013.05.010>
- Pan, Q., Shai, O., Lee, L. J., Frey, B. J., & Blencowe, B. J. (2008). Deep surveying of alternative splicing complexity in the human transcriptome by high-throughput sequencing. *Nature Genetics*, 40(12), 1413–1415. <https://doi.org/10.1038/ng.259>
- Peña-Blanco, A., & García-Sáez, A. J. (2018). Bax, Bak and beyond — Mitochondrial performance in apoptosis. *The FEBS Journal*, 285(3), 416–431. <https://doi.org/10.1111/febs.14186>
- Picard, B., & Gagaoua, M. (2020). Meta-proteomics for the discovery of protein biomarkers of beef tenderness: An overview of integrated studies. *Food Research International*, 127, 108739. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2019.108739>
- Picard, B., Kammoun, M., Gagaoua, M., Barboiron, C., Meunier, B., Chambon, C., & Cassar-Malek, I. (2016). Calcium homeostasis and muscle energy metabolism are modified in HspB1-null mice. *Proteomics*, 4(2), 17. <https://doi.org/10.3390/proteomics4020017>
- Purslow, P. P., Gagaoua, M., & Warner, R. D. (2021). Insights on meat quality from combining traditional studies and proteomics. *Meat Science*, 174, 108423. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2020.108423>
- Ramanathan, R., Nair, M. N., Wang, Y., Li, S., Beach, C. M., Mancini, R. A., ... Suman, S. P. (2021). Differential abundance of mitochondrial proteome influences the color stability of beef longissimus lumborum and psoas major muscles. *Meat and Muscle Biology*, 5(1).
- Robert, N., Briand, M., Taylor, R., & Briand, Y. (1999). The effect of proteasome on myofibrillar structures in bovine skeletal muscle. *Meat Science*, 51(2), 149–153. [https://doi.org/10.1016/S0309-1740\(98\)00113-2](https://doi.org/10.1016/S0309-1740(98)00113-2)
- Rønning, S. B., Andersen, P. V., Pedersen, M. E., & Hollung, K. (2017). Primary bovine skeletal muscle cells enters apoptosis rapidly via the intrinsic pathway when available oxygen is removed. *PLoS One*, 12(8), Article e0182928. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0182928>
- Rossi, D., Pierantozzi, E., Amadun, D. O., Buonocore, S., Rubino, E. M., & Sorrentino, V. (2022). The sarcoplasmic reticulum of skeletal muscle cells: A labyrinth of membrane contact sites. *Biomolecules*, 12(4), 488.
- Schönichen, A., Mannherz, H. G., Behrmann, E., Mazur, A. J., Kühn, S., Silván, U., ... Geyer, M. (2013). FHOD1 is a combined actin filament capping and bundling factor that selectively associates with actin arcs and stress fibers. *Journal of Cell Science*, 126(8), 1891–1901. <https://doi.org/10.1242/jcs.126706>
- Sentandreu, E., Fuente-García, C., Pardo, O., Oliván, M., León, N., Aldai, N., ... Sentandreu, M. A. (2021). Protein biomarkers of bovine defective meats at a glance: Gel-free hybrid Quadrupole-Orbitrap analysis for rapid screening. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 69(26), 7478–7487. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.1c02016>
- Shang, F., & Taylor, A. (2011). Ubiquitin-proteasome pathway and cellular responses to oxidative stress. *Free Radical Biology and Medicine*, 51(1), 5–16. <https://doi.org/10.1016/j.freeradbiomed.2011.03.031>
- Sierra, V., González-Blanco, L., Dineiro, Y., Díaz, F., García-Espina, M. J., Coto-Montes, A., ... Oliván, M. (2021). New insights on the impact of cattle handling on post-mortem myofibrillar muscle proteome and meat tenderization. *Foods*, 10(12), 3115.
- Sierra, V., & Oliván, M. (2013). Role of mitochondria on muscle cell death and meat tenderization. [journal article]. *Recent Patents on Endocrine, Metabolic & Immune Drug Discovery*, 7(2), 120–129.
- Stacklies, W., Redestig, H., Scholz, M., Walther, D., & Selbig, J. (2007). pcaMethods—A bioconductor package providing PCA methods for incomplete data. *Bioinformatics*, 23(9), 1164–1167. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btm069>
- Tait, S. W. G., & Green, D. R. (2010). Mitochondria and cell death: Outer membrane permeabilization and beyond. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 11(9), 621–632. <https://doi.org/10.1038/nrm2952>
- Taylor, R. G., Tassy, C., Briand, M., Robert, N., Briand, Y., & Ouali, A. (1995). Proteolytic activity of proteasome on myofibrillar structures. *Molecular Biology Reports*, 21(1), 71–73. <https://doi.org/10.1007/bf00990974>
- Ubaid-Mohien, C., Lyashkov, A., Gonzalez-Freire, M., Tharakan, R., Shardell, M., Moaddel, R., ... Ferrucci, L. (2019). Discovery proteomics in aging human skeletal muscle finds change in spliceosome, immunity, proteostasis and mitochondria. *eLife*, 8, Article e49874. <https://doi.org/10.7554/eLife.49874>
- Wang, L.-L., Han, L., Ma, X.-L., Yu, Q.-L., & Zhao, S.-N. (2017). Effect of mitochondrial apoptotic activation through the mitochondrial membrane permeability transition pore on yak meat tenderness during postmortem aging. *Food Chemistry*, 234, 323–331. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2017.04.185>
- Wang, Y., Jin, J., Xia, Z., & Chen, H. (2022). miR-363-3p attenuates the oxygen-glucose deprivation/reoxygenation-induced neuronal injury in vitro by targeting PDCD6IP. *Molecular Medicine Reports*, 26(5), 322. <https://doi.org/10.3892/mmr.2022.12838>
- Wang, Z., He, F., Rao, W., Ni, N., Shen, Q., & Zhang, D. (2016). Proteomic analysis of goat longissimus dorsi muscles with different drip loss values related to meat quality traits. [journal article]. *Food Science and Biotechnology*, 25(2), 425–431. <https://doi.org/10.1007/s10068-016-0058-y>
- Warner, R., Wheeler, T. L., Ha, M., Li, X., Bekhit, A. E.-D., Morton, J., ... Zhang, W. (2021). Meat tenderness: Advances in biology, biochemistry, molecular mechanisms

- and new technologies. *Meat Science*, 108657. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2021.108657>
- Wei, Y., Li, X., Zhang, D., & Liu, Y. (2019). Comparison of protein differences between high- and low-quality goat and bovine parts based on iTRAQ technology. *Food Chemistry*, 289, 240–249. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2019.03.052>
- Wicks, J. C., Bodmer, J. S., Yen, C. N., Zumbaugh, M. D., Matarneh, S. K., Scheffler, T. L., ... Gerrard, D. E. (2022). Chapter 4 - Postmortem muscle metabolism and meat quality. In P. Purslow (Ed.), *New aspects of meat quality* (2nd ed., pp. 67–93). Woodhead Publishing.
- Wu, S., Luo, X., Yang, X., Hopkins, D. L., Mao, Y., & Zhang, Y. (2020). Understanding the development of color and color stability of dark cutting beef based on mitochondrial proteomics. *Meat Science*, 163, 108046. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2020.108046>
- Yang, X., Wu, S., Hopkins, D. L., Liang, R., Zhu, L., Zhang, Y., & Luo, X. (2018). Proteomic analysis to investigate color changes of chilled beef longissimus steaks held under carbon monoxide and high oxygen packaging. *Meat Science*, 142, 23–31. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2018.04.001>
- Yu, Q., Tian, X., Shao, L., Xu, L., Dai, R., & Li, X. (2018). Label-free proteomic strategy to compare the proteome differences between longissimus lumborum and psoas major muscles during early postmortem periods. *Food Chemistry*, 269, 427–435. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2018.07.040>
- Zhai, C., Djimsa, B. A., Prenni, J. E., Woerner, D. R., Belk, K. E., & Nair, M. N. (2020). Tandem mass tag labeling to characterize muscle-specific proteome changes in beef during early postmortem period. *Journal of Proteomics*, 222, 103794. <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2020.103794>
- Zhang, J., Ma, D., & Kim, Y. H. B. (2020). Mitochondrial apoptosis and proteolytic changes of myofibrillar proteins in two different pork muscles during aging. *Food Chemistry*, 319, 126571. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2020.126571>
- Zhang, W., Xiao, S., & Ahn, D. U. (2013). Protein oxidation: Basic principles and implications for meat quality. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 53(11), 1191–1201. <https://doi.org/10.1080/10408398.2011.577540>
- Zhao, L., Li, F., Zhang, X., Zhang, D., Li, X., Zhang, Y., ... Wang, W. (2022). Integrative analysis of transcriptomics and proteomics of longissimus thoracis of the Hu sheep compared with the Dorper sheep. *Meat Science*, 193, 108930. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2022.108930>
- Zhu, Y., Gagaoua, M., Mullen, A. M., Kelly, A. L., Sweeney, T., Cafferky, J., ... Hamill, R. M. (2021). A proteomic study for the discovery of beef tenderness biomarkers and prediction of Warner–Bratzler shear force measured on longissimus thoracis muscles of young Limousin-sired bulls. *Foods*, 10(5), 952.
- Zhu, Y., Gagaoua, M., Mullen, A. M., Viala, D., Rai, D. K., Kelly, A. L., ... Hamill, R. M. (2021). Shotgun proteomics for the preliminary identification of biomarkers of beef sensory tenderness, juiciness and chewiness from plasma and muscle of young Limousin-sired bulls. *Meat Science*, 176, 108488. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2021.108488>

Discussion générale

DISCUSSION GENERALE

L'élevage caprin et la consommation de viande caprine jouent un rôle essentiel dans la réalisation des objectifs de développement durable. Le secteur caprin offre de multiples avantages économiques, environnementaux et sociaux, contribuant ainsi à la durabilité globale de notre système alimentaire. Tout d'abord, l'élevage caprin est une source de revenus vitale pour de nombreux agriculteurs, en particulier dans les régions rurales et les pays en développement. Les caprins sont bien adaptés à des environnements difficiles et peuvent prospérer dans des conditions où d'autres animaux d'élevage ne survivraient pas. Ils sont également moins exigeants en termes de ressources, de terres et d'alimentation, ce qui en fait une option attrayante pour les petits agriculteurs ayant des ressources limitées. L'élevage caprin peut contribuer à réduire la pauvreté et à stimuler le développement rural en offrant des opportunités d'emploi et de revenus durables.

De plus, la viande caprine présente des avantages nutritionnels importants. Elle est riche en protéines de haute qualité, en vitamines et en minéraux essentiels tels que le fer et le zinc. Pour les populations qui souffrent de malnutrition ou de carences nutritionnelles, la consommation de viande caprine peut contribuer à améliorer leur alimentation et leur santé. De plus, la viande caprine est souvent moins chère que d'autres sources de protéines animales, ce qui en fait une option abordable pour de nombreuses personnes. Sur le plan environnemental, l'élevage caprin peut jouer un rôle dans la préservation des terres et de la biodiversité. Les caprins sont des pâtureurs efficaces et peuvent aider à maintenir les écosystèmes en éliminant les mauvaises herbes et en réduisant les risques d'incendie. De plus, l'élevage caprin nécessite moins d'eau et d'espace que d'autres formes d'élevage intensif, ce qui peut contribuer à la préservation des ressources naturelles et à la réduction de l'empreinte environnementale. Enfin, l'élevage caprin peut également jouer un rôle social important en renforçant les liens communautaires et en préservant les traditions culturelles. Dans de nombreuses sociétés, l'élevage des caprins est souvent intégré dans les pratiques sociales et cérémonielles. L'élevage caprin peut donc contribuer à la préservation de l'identité culturelle et au renforcement des communautés. En conclusion, l'élevage caprin et la consommation de viande caprine peuvent contribuer de manière significative à la réalisation des objectifs de développement durable. Ils offrent des opportunités économiques aux agriculteurs, améliorent la nutrition des populations, préservent l'environnement et renforcent les communautés. Il est essentiel de promouvoir et de soutenir le développement de ce secteur afin de garantir une production alimentaire durable et équitable pour tous.

Afin d'atteindre ses objectifs, dans le contexte Algérien en particulier dans de la région de Kabylie en particulier, il est aujourd'hui important de mener des caractérisations approfondies des systèmes d'élevages en place ; des pratiques d'achat, de consommation et préférences liées à la viande caprine ; des mécanismes régissant la transformation du muscle de la chèvre en viande ; de l'apport de l'utilisation des techniques à haut débit, comme la protéomique, pour une meilleure maîtrise de la qualité et identification de biomarqueurs ; et l'analyse intégrée de la qualité de la viande caprine produite dans différents systèmes de productions. Les travaux de cette thèse avaient donc une multitude d'objectifs et a tenté de y répondre en mettant une place de la ferme au produit. Dans ce qui suit, les différentes parties de la thèse sont discutées dans l'ordre du continuum de l'élevage à la viande en passant par la biochimie du muscle post-mortem.

1. Enquêtes auprès des éleveurs sur les pratiques d'élevage caprin en région de Kabylie (Cf. Publication n°01)

1.1. Caractérisation des systèmes d'élevage caprins en région de Kabylie avec un focus sur la wilaya de Tizi-Ouzou

La première étude de ma thèse a été réalisée auprès de 49 fermes situées dans la wilaya de Tizi Ouzou. Elle avait pour principal objectif la caractérisation des différentes pratiques liées à l'élevage caprin. Les variables relatives à la caractérisation socioéconomique des éleveurs révèlent que la majorité interrogée est propriétaire des exploitations. Par ailleurs, 88% d'entre eux sont des hommes, tandis que les femmes ne représentent que 12%. Cette prédominance masculine peut être associée à la répartition traditionnelle des rôles, l'élevage étant fréquemment perçu comme une activité masculine dans les régions rurales montagneuses comme la Kabylie. Des recherches antérieures menées à la fois dans la région de la Kabylie et dans d'autres pays, comme le Mozambique et Cuba, corroborent cette répartition (Kadi et al. 2014; Moula et al. 2017; Gispert Muñoz et al. 2019; Mataveia et al. 2019). Cependant, certaines études ont rapporté une participation féminine plus significative pour l'élevage caprin, une dynamique qui pourrait être expliquée par quelques facteurs comme la répartition des responsabilités familiales (Fikru & Gebeyew 2015; Dosseh et al. 2021). Ces observations incitent à effectuer une analyse plus approfondie sur les influences culturelles et socioéconomiques et la répartition des tâches relatives à l'élevage caprin.

La majorité des éleveurs interrogés au sein de la zone d'étude avait une tranche d'âge supérieure à 40 ans, correspondant à 63 % de l'effectif total. Près de 33 % des éleveurs avaient

des éleveurs de plus de 40 ans, peut être justifiée par leur expérience dans le domaine de la production animale, indépendamment de leur formation professionnelle. Par contre, un nombre restreint de jeunes opte pour des professions proposant une rémunération supérieure à celle de l'élevage, (Ouchene-Khelifi et al. 2021), ce qui explique le faible taux représenté par les jeunes éleveurs. En ce qui concerne le niveau d'instruction, la majorité des éleveurs ont atteint un niveau d'éducation secondaire ou lycéen (78%). Un nombre limité d'entre eux a achevé l'éducation primaire (6%) ou universitaire (6%), tandis que certains étaient illettrés (10%). La proportion d'illettrisme est moindre par rapport à celle observée dans d'autres régions steppiques algériennes telles que Laghouat avec 44,3% (Laouadi et al. 2018) et M'Sila avec 60% (Hadbaoui 2013). Le niveau d'instruction des éleveurs est un facteur crucial dans les systèmes de production, car il influence directement leur comportement et leur expérience dans le domaine de l'élevage (Rahadi et al. 2020). Des études comparables ont également mis en évidence le niveau d'instruction limité des agriculteurs en Tunisie (Nafti 2021). En général, les connaissances des éleveurs sont acquises suite à leur expérience personnelle ou transmises par leurs prédécesseurs. La plupart considère l'élevage comme une pratique traditionnelle héritée (80%), tandis qu'une faible proportion a bénéficié d'une formation spécialisée (4%), généralement dispensée par les services agricoles locaux. Plusieurs facteurs, comme le faible niveau d'éducation, peuvent être à l'origine des faibles productions. Néanmoins, d'autres éléments telles que les conditions météorologiques défavorables peuvent également expliquer ces dernières. De plus, l'utilisation importante de l'eau de pluie par les animaux, exacerbée par un manque de modernisation du secteur, peut avoir un impact négatif sur la production animale (Abdallah et al. 2019; Kdidi et al. 2021).

Au travers de mes enquêtes auprès des éleveurs, il a été constaté que l'élevage caprin constituait la principale source de revenus pour 49% des éleveurs, tandis que 51% menaient d'autres activités dans les secteurs privé ou public en parallèle de l'élevage caprin, ce qui complétait les revenus issus de cette activité. Les agriculteurs ont évoqué plusieurs objectifs relatifs à l'élevage caprin, les plus fréquents étant la vente du lait (51%) et/ou de la viande (27%), ainsi que la vente d'animaux vivants ou de chevreaux en vue de générer des revenus. L'importance de la production caprine dans l'amélioration de la sécurité alimentaire et des conditions de vie a été rapporté par d'autres études (Ouchene-Khelifi et al. 2015; Khelifi & Ouchene 2021). Il ressort que 39% des personnes interrogées perçoivent l'élevage caprin comme une ancienne tradition à préserver pour les générations futures. Les travaux antérieurs ont montré des résultats similaires, notamment dans les régions rurales du delta du Nil en Égypte (Abdallah

et al. 2019). Pour ce groupe d'éleveurs, l'élevage caprin est principalement destiné à l'autoconsommation de viandes et de lait au sein de la famille, ainsi qu'à des fins économiques et aux célébrations familiales. En effet, la viande caprine revêt une importance pour les populations des zones pauvres en ressources, où elle est principalement produite et consommée localement au sein des ménages (Dubeuf et al. 2004; Aziz 2010). L'enquête a également révélé que 61% des éleveurs assument seuls la responsabilité de la gestion du troupeau, tandis que 35% la partagent avec les membres de leur famille et 4% font appel à une main-d'œuvre extérieure. En effet, l'implication des membres de la famille dans le travail dépend de la taille des troupeaux. Les caprins ont le potentiel de réduire la pauvreté et de contribuer à la sécurité alimentaire dans divers pays (Peacock 2005), et dans certaines communautés, l'élevage caprin est considéré comme un symbole de richesse (Hadjigeorgiou 2011).

Les résultats de cette étude ont également révélé que 51% des éleveurs ont opté pour un élevage mixte comprenant des ovins, des bovins, de la volaille, et parfois même des chevaux et des ânes. Les autres ne préfèrent élever que les caprins. Généralement, l'élevage mixte de caprins et d'ovins est la pratique la plus courante/dominante dans les systèmes d'élevage traditionnels. Dans la région de la Kabylie, cette pratique est connue (Hossain et al. 2015; Ouchene-Khelifi et al. 2015). Par ailleurs, le système mixte est également utilisé en Algérie, notamment dans le Hoggar et le Tassili (Ripoll et al. 2021). La mixité des animaux offre une diversité de produits et systèmes rendus dont le fumier nécessaire à la fertilisation des sols agricoles et en retour l'éleveur bénéficie de ces animaux durant les périodes de pénuries alimentaires. En Algérie et dans la région de la Kabylie, l'élevage caprin est principalement destiné à la production laitière. Dans l'ensemble, le cheptel caprin algérien présente un bon niveau de diversité génétique, souvent associé à une diversité des méthodes d'élevage (Tefiel et al. 2018).

Les cheptels des éleveurs interrogés sont principalement composés de races caprines locales comme l'Arbia, la Naine de Kabylie et la Makatia, ainsi que des races européennes importées telles que la Saanen et l'Alpine. Nous avons observé une tendance à croiser des races locales avec les races importées, un développement préoccupant car il pourrait entraîner la perte de ressources génétiques animales locales (Kadi et al. 2014; Moula et al. 2017). La plupart des éleveurs (71%) ont moins de 25 caprins par troupeau, tandis qu'un pourcentage plus faible possède des troupeaux plus grands. La dominance de chèvres âgées de plus de 6 mois dans ces troupeaux, même les plus petits, est liée à leur utilisation pour la reproduction et la production laitière, tandis que les boucs sont généralement destinés à la production de viandes. Ainsi, la

taille des troupeaux a été notablement réduite en raison de la maladie de la Peste des petits ruminants (PPR). De plus, le croisement avec des races européennes importées et commerciales a conduit à une érosion génétique du troupeau national, ce qui pourrait être derrière le problème de la faible résistance aux maladies telles que la brucellose et la toxoplasmose, souvent considérées comme des causes significatives d'échec en reproduction caprine (Gabli et al. 2015; Ait Issad et al. 2020; Haif et al. 2021). Ces maladies, dont certaines sont des zoonoses, nécessitent des mesures préventives rigoureuses de la part des éleveurs.

La majorité (90%) des éleveurs nourrissent leurs caprins au pâturage, complétant leur alimentation avec du fourrage, du foin, de la paille, des déchets de cuisine organiques, des feuilles d'arbres et des résidus de récoltes, une pratique qui réduit considérablement les coûts de production et permet une rationalisation des ressources (Kadi et al. 2014; Moula et al. 2017; Laouadi et al. 2018). Les aliments commerciaux ou certaines céréales spécifiques comme le blé et l'orge sont moins fréquemment utilisés. Les principaux défis identifiés dans l'alimentation des caprins sont le manque de fourrage et les coûts élevés des aliments. Les pratiques d'élevage caprin dans la région de Kabylie démontrent une diversité d'approches allant du système de production extensif vers l'intensif.

Les caprins en Algérie sont susceptibles à diverses maladies, y compris les maladies diarrhéiques, la pneumonie, les maladies abortives, la fièvre de la vallée du Rift et la fièvre catarrhale du mouton, entre autres (Kitching 2003; Kardjadj 2017; Dudek et al. 2022). C'est pour cette raison que le gouvernement algérien a lancé une campagne de vaccination à grande échelle pour les petits ruminants, en particulier contre la PPR (Hailat et al. 2018). Cependant, environ 35% des éleveurs hésitent à profiter de cette vaccination soutenue par le gouvernement.

1.2. Typologies de pratiques d'élevage de caprins dans la wilaya de Tizi-Ouzou

Cette étude a permis aussi permis de réaliser une analyse typologique des systèmes d'élevage caprins en mobilisant les données collectées auprès des 49 éleveurs. Ainsi, une analyse des correspondances multiples (ACM) a été effectuée sur les variables les plus importantes et sélectionnées sur la base de la littérature et des experts, permettant d'obtenir trois composantes factorielles qui représentent 30,04 % de la variabilité totale. Le pâturage a été identifié comme étant la variable la plus influente, suivie par le système alimentaire, le croisement, la fréquence de changement des mâles et l'âge de l'exploitation. La deuxième dimension était caractérisée par des variables tels que la litière, l'accouplement contrôlé, la vermifugation et le pâturage. La troisième dimension était principalement influencée par le

croisement, le pâturage, la désinfection, la cohabitation et l'ajout des compléments alimentaires dans la ration alimentaire. Sur la base de la classification hiérarchique, quatre groupes (clusters) ont été identifiés pour représenter les typologies d'élevage caprins issues de la base de données créée dans le cadre de cette thèse. Le groupe 1 (22 % du total), correspond à un système de production caprine extensif ou pastoral, caractérisé par des investissements limités et une dépendance au pâturage avec une complémentation minimale. Le groupe 2 (29 %), représente un système d'élevage traditionnel amélioré, où le pâturage reste la principale source d'alimentation, mais avec de meilleures pratiques de vaccination et de désinfection. Le groupe 3 (37 %), a été classé comme un système d'élevage traditionnel amélioré, similaire aux groupes précédents, mais avec des bâtiments d'élevage plus grands et des troupeaux plus importants. Enfin, le groupe 4 (12 %), représente un système de production intensif caractérisé par des unités de logement plus grandes, des désinfections fréquentes et une focalisation sur l'élevage caprin avec un troupeau de taille importante. Dans l'ensemble, l'analyse typologique a mis en évidence la diversité des systèmes d'élevage caprins dans la région de la wilaya de Tizi-Ouzou en région de Kabylie, allant des systèmes extensifs aux systèmes intensifs, avec des variations dans les pratiques de pâturage, la supplémentation, la vaccination et la désinfection. Ces résultats offrent un aperçu des différentes pratiques d'élevage caprins dans la région et peuvent contribuer au développement d'interventions et de politiques ciblées pour la communauté des éleveurs caprins.

2.1. Enquête en ligne auprès des consommateurs de la région de Kabylie sur leurs attitudes, préférences et pratiques d'achat et de consommation de la viande caprine (Cf. Publication n°02)

Cette deuxième partie de ma thèse s'est intéressée à la consommation de la viande caprine en comparaison à d'autres espèces et les attitudes des consommateurs dans les trois wilayas Bouira, Bejaia et Tizi Ouzou de la région de Kabylie. L'étude a enquêté 665 participants, avec une représentation masculine de 53,8% et féminine de 46,2%. La majorité provenait de la wilaya de Tizi-Ouzou (49,2%), avec un âge principalement compris entre 20 et 30 ans (63,5%), et environ 12% ayant plus de 40 ans. Les occupations des répondants variaient d'un individu à un autre. Ainsi, le plus grand groupe était constitué d'employés (43,6%) dans divers secteurs et une part significative était représentée par des étudiants à temps plein (40%). Par ailleurs, une minorité était soit au chômage (4,7%) soit à la retraite (2,0%). La majorité des répondants avait au moins un diplôme de premier cycle, ce qui suggère que le niveau d'instruction et le revenu disponible influencent grandement les décisions d'achat et de

consommation de la viande, car elle constitue une denrée coûteuse en Algérie (Khara et al. 2021). L'enquête a révélé que 95,6% des 665 participants consomment de la viande, avec des fréquences et des préférences variables parmi les six types de viande. Parmi les consommateurs de viande, le poulet était le plus consommé et apprécié, suivi par le bovin et l'agneau. Cette préférence peut être attribuée à des facteurs tels que le goût, le prix abordable, la qualité nutritionnelle et la commodité de la transformation (Fletcher 2002; Tomasevic et al. 2021; Mohan et al. 2022). La viande caprine occupe une place intermédiaire, sa consommation étant liée au revenu des ménages et au prix du marché (Dubeuf et al. 2004; Juma et al. 2010; Teixeira et al. 2020). Sur les 636 consommateurs de viandes, seuls 362 répondants (56,9%) ont déclaré consommer de la viande caprine. Effectivement, la consommation de cette dernière est très faible dans la région de la Kabylie, avec environ 45% des répondants qui la consomment seulement une fois par an et 44,2%, qui la consomment mensuellement ou saisonnièrement. En outre, moins de 10% ont déclaré la consommer toutes les deux semaines ou chaque semaine. Ces résultats sont par exemple en accord avec le taux de consommation de la viande caprine dans les ménages turcs (Koşum et al. 2019).

Les données de cette enquête ont révélé que parmi les principales raisons qui incitent à acheter/consommer la viande caprine sont pour ses valeurs nutritionnelles (63,5%), le goût (51,9%) et d'autres raisons (43,1%) telles que la curiosité, la disponibilité et les traditions familiales (Ekanem et al. 2013). Les différences les plus significatives de la consommation de la viande caprine par rapport à d'autres types de viandes cuites concernent les qualités sensoriels comme, le goût (81,2%), la tendreté (57,2%), la saveur (30,9%) et la couleur (17,7%) (Webb et al. 2005). Cependant, ces différences dépendent du type animal, de la race, de l'âge à l'abattage et du système de production (Gagaoua et al. 2016; Pophiwa et al. 2020; Teixeira et al. 2020).

En général, les répondants ont jugé faible à moyenne, la consommation de la viande caprine, expliquant cette tendance par plusieurs raisons, probablement les habitudes culinaires (51,4%), sa non-disponibilité (50,6%), le prix élevé et l'inconscience de la plupart des consommateurs quant à sa valeur nutritionnelle. Les déterminants de l'achat, de la consommation et de l'évaluation de la qualité de la viande caprine sont multiples et l'analyse des perceptions des consommateurs est cruciale pour comprendre et prévoir leur comportement (Grunert et al. 2004). Les répondants ont évalué la couleur de la viande caprine comme étant équivalente à celle de la viande bovine, mais meilleure en termes de tendreté et de goût, et comme on pouvait s'y attendre, nettement meilleure en termes de qualités nutritionnelles (Resurreccion 2004; Liu et al. 2013; Mazhangara et al. 2019). Cependant, un certain nombre de

consommateurs considèrent que la viande caprine est inférieure en terme de couleur, texture et goût par rapport à celle du bœuf (Babiker et al. 1990). La décision d'achat de la viande par les consommateurs est influencée par la qualité de la viande (Font-i-Furnols & Guerrero 2014). Les critères d'achat décrits dans cette enquête concernant la viande caprine étaient, dans l'ordre la fraîcheur et la tendreté en premier lieu, suivis par le prix, la couleur, l'origine et enfin le système de production et les informations sur le type animal (Mancini & Hunt 2005; Gracia & de-Magistris 2013; Kantono et al. 2021; Mohan et al. 2022). Malgré toutes les qualités sensorielles et nutritionnelles, le prix reste un paramètre critique et a été classé en troisième position par les répondants, un nombre significatif (45%) le jugeant très élevé et non abordable (Hoffman et al. 2005).

3. Vers la découverte de biomarqueurs de la qualité de la viande caprine par une approche protéomique

La décision d'achat de la viande par les consommateurs, y compris la viande caprine, est souvent influencée par des propriétés comme la fraîcheur, la couleur, le taux de gras et surtout le type de conditionnement (Gagaoua et al. 2022a). Généralement, plusieurs éléments interagissent pour déterminer la qualité de la viande caprine, qui est complexe et influencée par des facteurs intrinsèques et extrinsèques (Webb et al. 2005). Il est à noter que la viande caprine est généralement moins tendre que celle des autres espèces comme l'agneau, le porc et le bœuf (Smith et al. 1974; Johnson et al. 1995). De ce fait, la qualité de la viande caprine et les facteurs la déterminant, représentent un domaine de recherche pertinent, bien que peu d'études aient été publiées à ce sujet. L'objectif de cette troisième partie de ma thèse consiste à approfondir nos connaissances sur les mécanismes sous-jacents de la qualité de la viande caprine avec un focus sur 20 jeunes mâles de la race Saneen x Naine de Kabylie élevés dans un système de production extensif. Pour ce faire, la protéomique, une méthode qui a récemment gagné en popularité grâce aux améliorations significatives des performances de la spectrométrie de masse, est utilisée.

3.1. La qualité de la viande caprine de jeunes mâles et sa catégorisation en clusters de qualité de texture

La viande des 20 jeunes caprins caractérisée sur une multitude de paramètres technologiques, sensorielles et physico-chimiques a permis d'effectuer une analyse de classification hiérarchique et d'identifier trois groupes de qualités haute (Q-haute), faible (Q-faible) et intermédiaire (Q-intermédiaire). Des résultats de la couleur et du pH, les échantillons de la viande du groupe Q-haute, peuvent être considérés comme étant de couleur rouge pâle, une

qualité recherchée par les consommateurs (Lamri et al. 2022). Les valeurs de la luminance plus élevées peuvent être attribuées à une meilleure capacité de rétention d'eau (CRE) élevée et faible perte en eau), ce qui est en accord avec les résultats des études précédentes (Bouley et al. 2004; Picard et al. 2016; Gagaoua et al. 2021d). Des valeurs de luminance plus élevées sont connues pour être causées par la diffusion de la lumière à l'intérieur de la structure du muscle ainsi que par le fluide présent à la surface de la matrice carnée (Gagaoua et al. 2018b). Dans cette étude, les valeurs moyennes du pH ultime et indépendamment du groupe de la qualité, étaient dans la plage acceptable de 5,5-5,8 (Kadim et al. 2004; Madruga et al. 2008; Borgogno et al. 2015), mais avec des valeurs inférieures dans le groupe de meilleure qualité Q-haute. Du point de vue de la texture de la viande, la dégradation des protéines est connue pour être liée à la vitesse et l'amplitude de la chute du pH (Gagaoua & Picard 2022; Santiago et al. 2023) En effet, une diminution rapide du pH est considérée comme une condition favorable à une protéolyse et à une dégradation accrue des protéines musculaires myofibrillaires (O'Halloran et al. 1997). L'importance de la dénaturation et de la dégradation des protéines structurales pendant le processus post-mortem pourrait affecter la densité des protéines le long du sarcomère, influençant ainsi l'espacement du réseau de myofilaments et le rétrécissement des fibres musculaires, ce qui impacte également la diffusion de la lumière (Gagaoua et al. 2018b). Un pH plus élevé dans les carcasses animaux du groupe Q-faible, au début de la période post-mortem ou pendant la maturation peut réduire l'activité de la μ -calpaïne, diminuant ainsi le taux et l'ampleur du processus de maturation. Un autre facteur contribuant peut comprendre une activité plus élevée de l'inhibiteur de calpastatine dans les muscles de caprins (surtout dans le groupe Q-faible) comparé, par exemple, à l'agneau (Gagaoua et al. 2022a).

Les valeurs de l'indice de fragmentation myofibrillaire (IFM), plus élevées dans le groupe Q-haute peuvent être attribuées à des changements dans l'espacement des myofilaments. En effet, un pH plus faible impact l'état physique des protéines qui seront en dessous de leur point isoélectrique (pI), réduisant ainsi l'association avec l'eau du muscle et impactant positivement la compacité des fibres musculaires (Abril et al. 2001). L'augmentation de la perte en eau dans le groupe Q-faible, pourrait être en partie liée à la réduction du volume cellulaire, augmentant ainsi la pression élastique à l'intérieur des sarcomères et la dénaturation des protéines induites par la baisse du pH, l'augmentation de la température avant la *rigor mortis* et le stress cellulaire (Kim et al. 2014). Par conséquent, on pourrait supposer que la viande des caprins du groupe Q-haute ont subi un stress cellulaire réduit dans le muscle, conservant ainsi plus d'eau dans leur muscle par rapport à leurs homologues du groupe Q-faible.

La perte à la cuisson de la viande a été suggérée comme dépendante du pH ultime des carcasses (Madruga et al. 2008; Bakhsh et al. 2018). Dans cette étude et au sein des trois groupes, les valeurs de pertes à la cuisson étaient différentes à 48 h post-mortem seulement et variaient de 23,04% (Q-haute) à 26,99% (Q-faible). Globalement, ces valeurs sont dans la gamme de celles rapportées dans des études antérieures pour la viande caprine (Kadim et al. 2004; Webb et al. 2005; Kannan et al. 2006). Le pH élevé dans le groupe de texture Q-faible (4 animaux sur 7 avaient un $\text{pH} \geq 5,9$), pourrait être en partie lié à un éventuel stress des animaux subit à l'abattage, expliquant ainsi les valeurs inférieures de la capacité de rétention d'eau et les pertes importantes en eau de la viande fraîche et à la cuisson. Il est connu dans la littérature que les caprins, en particulier les jeunes mâles comme dans cette étude, sont très sensibles au stress à l'abattage (Webb et al. 2005)

3.1. Apport de la protéomique pour identifier des protéines discriminantes des clusters de texture de la viande caprine

L'étude a identifié 25 protéines différenciellement abondantes entre les trois groupes de qualité de texture de la viande caprine. Ces protéines différenciellement abondantes ont été catégorisées en trois voies biologiques primaires : "structure musculaire", "métabolisme énergétique" et "réponse au stress cellulaire", ainsi qu'un groupe de protéines de diverses voies et fonctions moléculaires. En utilisant l'analyse discriminante linéaire, les protéines différenciellement abondantes ont été validées comme des discriminants robustes entre les clusters de texture, atteignant une précision de prédiction élevée. De plus, l'analyse du réseau de protéines a révélé une interconnexion significative entre ces voies et une analyse d'enrichissement a identifié neuf termes enrichis de Gene Ontology (GO), tels que "Processus du système musculaire", "Développement de l'organe musculaire" et "Processus métabolique de l'ATP". Ces termes GO correspondaient à deux sous-réseaux de détection de complexes moléculaires significatifs, l'un lié à la "contraction musculaire" et l'autre au "processus métabolique de l'ATP". (Cf. **Publication n°03**). Il est à noter que les études de protéomiques sur la viande caprine sont très rares dans la littérature et ces travaux sont les premiers à identifier des biomarqueurs de la texture et une multitude de paramètres de la qualité de la viande caprine.

Rôle central des protéines musculaires dans la détermination de la texture de la viande caprine

Cette étude a identifié un nombre élevé de protéines structurelles musculaires et de myofibrilles comme biomarqueurs discriminants, validant ainsi l'approche expérimentale utilisée, centrée sur la texture. Le processus du système musculaire est la voie la plus enrichie,

ce qui est conforme à la littérature existante sur le rôle que la structure musculaire joue dans la détermination de la texture (Hopkins & Erbjerg 2023). L'indice de fragmentation myofibrillaire, utilisé pour évaluer la texture de la viande, était significativement ($p < 0.05$) corrélé avec plusieurs protéines musculaires, dont plusieurs sont connues pour changer pendant la maturation de la viande (Lana & Zolla 2016). La myosine est l'une des principales protéines structurelles du muscle et son contenu. Sa composition et son taux de dégradation sont des facteurs majeurs affectant la tendreté finale de la viande (Lana & Zolla 2016; Picard & Gagaoua 2020b). Cette étude révèle que les changements structurels post-mortem et leur ampleur ont été attribués à des processus multienzymatiques, dont les calpaïnes, les caspases et les cathepsines, qui jouent tous un rôle significatif dans le développement de la texture de la viande (Gagaoua et al. 2021d).

Rôle significatif du métabolisme énergétique dans le développement de la texture de la viande caprine

L'étude a identifié six protéines liées au métabolisme énergétique et au processus métabolique de l'ATP, soulignant leur rôle dans le développement de la texture de la viande caprine (Ouali et al. 2013; Minjarez et al. 2016; Kim et al. 2019). Ces protéines comprennent des enzymes glycolytiques et des protéines impliquées dans la synthèse de l'ATP, qui tentent de maintenir les niveaux d'ATP dans le muscle afin de permettre une contraction continue après la saignée de l'animal (Jia et al. 2006). Cette production d'ATP dans le muscle post-mortem joue également un rôle clé dans le phénomène d'apoptose, l'un des processus de mort cellulaire dépendant de l'énergie (Ouali et al. 2013). En outre, ces protéines ont déjà été identifiées dans des études précédentes comme ayant un impact sur la qualité de la viande caprine et d'autres espèces (Wang et al. 2016; Gagaoua et al. 2020b; Baldassini et al. 2022; Gu et al. 2022; della Malva et al. 2023), confirmant le rôle central du métabolisme énergétique et du processus métabolique de l'ATP dans la compréhension des différences dans la qualité de la viande caprine (Anderson et al. 2014; Baldassini et al. 2022; Della Malva et al. 2022).

Importance des voies de réponse au stress cellulaire et du repliement des protéines

Les résultats de cette étude soulignent aussi le rôle significatif des protéines de choc thermique (HSP) dans la détermination de la qualité et de la texture de la viande caprine. Ces dernières sont impliquées dans le repliement des protéines, le transport et la protection contre le stress cellulaire ou l'apoptose (Picard & Gagaoua 2020a). Plus précisément, les protéines HSPB1 et HSPA8 ont émergé en tant qu'acteurs clés. HSPB1, souvent associée à différents

effets sur la qualité de la viande, est considérée comme protectrice contre la dégradation des protéines musculaires en post-mortem (Pulford et al. 2008). Elle est également reconnue pour inhiber l'activation de la caspase-3 et préserver les protéines myofibrillaires telles que la desmine, l'actine et les troponines (Ding et al. 2018). D'autre part, HSPA8, trouvée en plus grande abondance dans le cluster Q-faible, contribue à la stabilité de la structure musculaire en maintenant l'intégrité cellulaire et en réparant les protéines dénaturées (Picard et al. 2014). Elle réagit également aux facteurs de stress pré- et post-abattage, (Sierra et al. 2021; Terlouw et al. 2021), ce qui entraîne une augmentation de son abondance dans les échantillons Q-faible. En outre, HSPB1 et HSPA8 présentent des rôles interconnectés avec des protéines impliquées dans le métabolisme énergétique et la structure musculaire (Stricher et al. 2013; Sierra et al. 2021). Néanmoins, une compréhension plus approfondie du rôle spécifique des protéines de réponse au stress cellulaire et du repliement des protéines dans la qualité de la viande caprine nécessite des recherches supplémentaires.

Des biomarqueurs protéiques candidats corrélés avec les paramètres de la qualité de la viande caprine

En plus de la caractérisation de la viande, l'identification des signatures moléculaires régissant la variabilité de la texture, cette étude avait aussi l'objectif d'identifier des biomarqueurs potentiels associés à plusieurs paramètres de la qualité de la viande caprine. Les 25 protéines différentiellement abondantes ont été corrélées avec les paramètres de la qualité de la viande caprine évalués à différents temps post-mortem. Le plus grand nombre de protéines corrélées a été trouvé comme attendu avec l'indice de fragmentation myofibrillaire avec huit protéines communes aux trois temps post-mortem évalués. Des protéines telles que MYL1, PGM1, HSPA8 et H2AC12 ont été corrélées à l'indice de fragmentation myofibrillaire et ont déjà été identifiées comme biomarqueurs de la qualité de la viande (Pulford et al. 2008; Picard et al. 2014; Picard & Gagaoua 2017; Purslow et al. 2021). EEF2, une protéine impliquée dans la fonction des ribosomes, peut être ainsi proposée comme biomarqueur potentiel de la texture de la viande caprine. Plusieurs protéines provenant de différentes voies biologiques ont été corrélées à la capacité de rétention d'eau, à la perte en eau et à la perte en eau à la cuisson. Des protéines impliquées dans le métabolisme énergétique, l'apoptose et la réponse au stress ont été identifiées comme contribuant à la rétention/perte d'eau dans la viande. HSPB1 et HSPA8, qui jouent un rôle dans les mécanismes de défenses cellulaires et de la protection de l'actine, ont été corrélées aux paramètres de rétention/perte d'eau. TRIM72, une protéine impliquée dans le stress oxydatif et dans l'élimination des agents apoptotiques, a été positivement corrélée à la

perte en eau par exsudation et à la perte en eau à la cuisson. Des protéines telles que MYL1, EEF2 et ETAA1 ont été corrélées aux caractéristiques de la couleur, notamment aux valeurs de luminance (L*). Seules quelques protéines ont été corrélées aux caractéristiques du pH. Ces résultats mettent en évidence le potentiel de la protéomique pour identifier des biomarqueurs protéiques liés aux caractéristiques de la qualité de la viande caprine et fournissent des informations sur les mécanismes sous-jacents influençant le développement de ses qualités.

4. Etude des changements dynamiques des protéines dans le muscle *Semitendinosus* pendant la période post-mortem par une approche de protéomique à haut débit (Cf. Publication n°04)

Cette quatrième étude avait pour objectif d'exploiter un autre muscle des mêmes animaux afin d'apporter de nouvelles connaissances sur les mécanismes biochimiques influençant la qualité de la viande caprine en s'appuyant sur une approche de protéomique à haut débit (Purslow et al. 2021; Gagaoua et al. 2022b). Le profilage protéomique du muscle *Semitendinosus* post-mortem des caprins, révèle des modifications dynamiques et met en évidence des voies biologiques essentielles rapportées précédemment chez d'autres espèces (Ouali et al. 2013). Les processus oxydatifs et l'homéostasie redox cellulaire se manifestent principalement 8h après la mort (Zhang et al. 2013; Gagaoua et al. 2021d). Cette étude est novatrice dans la révélation de ces signatures moléculaires et souligne le rôle central des mitochondries dans la qualité de la viande caprine (Ouali et al. 2013; Sierra & Olivan 2013; Dang et al. 2020; Gagaoua et al. 2021e; Purslow et al. 2021). Cette étude suggère aussi des protéines comme biomarqueurs potentiels pour comprendre les transformations du muscle *Semitendinosus* de caprins après l'abattage et évaluer sa qualité finale.

Rôle essentiel de la liaison, du transport et de l'homéostasie du calcium

Le rôle central de la voie de l'homéostasie du transport, de la liaison et du calcium a été identifiée comme la caractéristique majeure des modifications post-mortem précoces dans le muscle *Semitendinosus* de la viande caprine (Picard et al. 2016; Rossi et al. 2022). La plupart des protéines différenciellement abondantes appartenant à cette voie étaient régulées à la baisse à 1h post-mortem. CASQ2 (calsequestrin-2) et STRAP (Protéine associée au récepteur de la kinase Serine-Threonine), qui étaient plus abondantes à 1h par rapport à 8h, étaient parmi les quelques protéines régulées à la hausse. Le calcium est le principal régulateur des muscles squelettiques, donc sa surveillance est essentielle pour comprendre le taux et l'ampleur des processus en post-mortem (Purslow et al. 2021). D'autres protéines impliquées dans

l'homéostasie du calcium ont été identifiées comme étant plus abondantes à 1h post-mortem par rapport à 24h, notamment CAMK2D, CAV1 et ATP2A2, qui régulent l'afflux/libération du calcium dans les muscles (Picard & Gagaoua 2020a; Gagaoua et al. 2021c). Plusieurs des protéines différenciellement abondantes telles que PDCD6IP (protéine interagissant avec la mort cellulaire programmée), sont également impliquées directement dans l'apoptose (Wang et al. 2022b), et ont été identifiées dans cette étude, montrant une augmentation en abondance au fil du temps. Enfin, SIRT2 (sirtuin 2), une déacétylase dépendante du NAD qui fonctionne principalement dans le cytoplasme et régule les niveaux d'acétylation de l' α -tubuline, est une autre protéine commune qui augmente en abondance au fil du temps (Lombard et al. 2011; Han et al. 2021). Cependant, les données disponibles dans la littérature sont limitées aux maladies humaines et c'est pourquoi le rôle de SIRT2 dans le maintien de l'homéostasie cellulaire pendant la période post-mortem du muscle, devrait être profondément étudié par rapport à la viande.

Rôle essentiel des processus catalytique, métabolique et métabolique de l'ATP

L'identification d'un grand nombre de protéines différenciellement abondantes provenant de la voie du métabolisme énergétique en phase post-mortem précoce, confirme les connaissances croissantes soutenues par des études antérieures (Jia et al. 2007; Bjarnadóttir et al. 2012; Ouali et al. 2013; Gagaoua et al. 2020b). Les expériences de protéomique ont montré que l'ATP est disponible dans les cellules musculaires pendant les premières 24 heures après la mort de l'animal, principalement lorsque la génération d'énergie est encore opérationnelle (Jia et al. 2007). Parmi les 13 protéines différenciellement abondantes identifiées entre 1h et 8h post-mortem, HSDL2 était la seule protéine en surabondance à 1h post-mortem. Il a été rapporté que les lipides, régulateurs essentiels de la stabilisation cellulaire et du métabolisme, sont impliqués dans la production d'énergie post-mortem (Ouali et al. 2013). De plus, une abondance plus élevée des voies du métabolisme lipidique dans le protéome musculaire pendant la période post-mortem précoce a été précédemment mise en évidence par la protéomique (Yu et al. 2018; Zhai et al. 2020). Des comparaisons ultérieures des protéines changeantes entre 1h et 24h ont révélé une plus grande abondance à 1h post-mortem de GYS (un enzyme qui régule la synthèse du glycogène) et de GOT2 (qui joue un rôle clé dans le métabolisme des acides aminés). L'abondance de GOT2 a été précédemment associée à une production plus élevée d'oxaloacétate et à la stabilité de la couleur dans le protéome musculaire bovin (Ramanathan et al. 2021). De plus, plusieurs protéines appartenant aux complexes I, II, III et IV, impliquées dans la chaîne de transport d'électrons mitochondriaux (UQCRB, COX4I1, NDUFV1, NDUFA4, NDUFB8, NDUFS2, ATP5PD, et AGL) et le cycle de Krebs (ACO1, FH et IDH3B) ont été

trouvées régulées à la baisse dans le protéome du muscle caprin à 1h post-mortem. Cependant, la régulation à la hausse, sur le temps post-mortem, refléterait le mécanisme de maintien de l'homéostasie ou la lutte pour survivre dans les cellules musculaires (Ji et al. 2022).

Importance des protéines de la contraction musculaire, structure et protéines associées

L'apoptose post-mortem peut influencer l'intégrité du muscle squelettique par la modulation du flux de calcium, entraînant des modifications importantes de la structure musculaire et déterminant finalement la qualité de la viande. Ce processus implique l'augmentation des concentrations du calcium sarcoplasmique qui activent les protéases endogènes telles que les calpaïnes et les caspases, provoquant des dommages significatifs à l'intégrité de la membrane cellulaire et du cytosquelette. Des protéines comme la MYOZ3, qui sont abondantes 1 heure après la mort, jouent un rôle crucial dans la différenciation des fibres musculaires et la détermination de la tendreté de la viande (Zhu et al. 2021), interagissent avec des protéines dans le muscle squelettique, et par conséquent associées à la désorganisation du sarcomère pendant la période post-mortem (D'Alessandro & Zolla 2013). Plusieurs de ces protéines sont proposées comme biomarqueurs de la tendreté chez le bovin (Gagaoua et al. 2021c). Dans cette étude, les protéines composant le sarcomère sont moins abondantes 1 heure après la mort, reflétant les processus biochimiques qui se produisent pendant cette période. Les protéines de liaison à la myosine peuvent affecter la sensibilité au calcium, avec des modifications de leur abondance signalant le début de l'apoptose (Gagaoua et al. 2021d). Les protéines de la matrice extracellulaire, qui sont moins abondantes 1 heure après la mort, jouent un rôle crucial dans la dégradation du muscle squelettique. Ainsi, cette étude présente les premières preuves de l'implication des protéines du matrisome dans les phénomènes de conversion du muscle en viande, appelant à d'autres recherches pour clarifier leur rôle dans la détermination de la qualité de la viande.

L'importance de la réponse au stress dans la transformation du muscle de la chèvre en viande : interaction entre le repliement des protéines et le stress oxydatif

La saignée qui survient lors des premières heures après l'abattage entraîne des dommages oxydatifs dans les cellules musculaires post-mortem et déclenche une réponse antioxydante qui peut s'accompagner des phénomènes d'autophagie (Lum et al. 2005). Les dommages produits sur les lipides et les protéines et induits par le stress oxydatif, sont responsables de l'apparition de l'autophagie dans le muscle post-mortem, qui affecte par la suite le métabolisme de la viande et sa qualité (Sierra & Olivan 2013; Lana & Zolla 2015). La GLO1

(lactoylglutathione lyase), qui participe à la régulation négative de l'apoptose ou la MCP, a été trouvée en plus grande abondance 1 heure après la mort dans le muscle *Semitendinosus* de la chèvre. Pour la première fois, l'étude a montré une plus faible abondance des protéines antioxydantes (GSTP1, PRDX6, TXN, et PARK7) et des protéines du choc thermique (HSPB1, HSPE1, et HSPB7) à 1h post-mortem, indiquant que le stress oxydatif et la réponse au stress à travers les chaperonnes moléculaires jouent un rôle retardé dans les premières heures post-mortem. Plus particulièrement, la GSTP1, impliquée dans la détoxification cellulaire et la résistance au stress oxydatif, était surabondante pendant le stockage de la viande (Zhang et al. 2013; Zhang et al. 2020). L'étude confirme que des protéines antioxydantes comme la PRDX6 peuvent réparer les dommages membranaires et prévenir la mort des cellules causée par le stress oxydatif en éliminant les molécules dérivées d'un processus d'oxydo-réduction (Fisher 2017). Les protéines du choc thermique (HSP) contribuent également aux caractères organoleptiques de la viande en restaurant les protéines altérées par les stimuli externes et en contrôlant ainsi le début de l'apoptose et les processus protéolytiques post-mortem (Lomiwes et al. 2013; Ouali et al. 2013; Picard & Gagaoua 2020a; Purslow et al. 2021). Ce travail souligne l'importance de ces protéines en tant que biomarqueurs candidats efficaces pour surveiller la fonction mitochondriale morphologique et physiologique et la régulation de l'apoptose dans le muscle post-mortem (Lomiwes et al. 2013; Ouali et al. 2013; Picard & Gagaoua 2020a; Purslow et al. 2021).

Protéolyse et premières indications sur l'implication des protéines ribosomales

Les résultats ont permis d'identifier divers inhibiteurs de protéases à sérine appartenant à la famille des serpinines, avec notamment SERPINA3, précédemment associée à la régulation de l'apoptose dans le muscle post-mortem (Gagaoua et al. 2015a; Zhu et al. 2021). Une régulation à la baisse des SERPINB1 et SERPINF1, suggérant ainsi leurs rôles potentiels dans les processus de transformation du muscle en viande et constituant également un aspect qui requiert des recherches plus poussées. L'implication des serpinines durant la période post-mortem du muscle caprin constitue une découverte novatrice, accentuant l'importance d'une compréhension plus approfondie de leurs variations dynamiques durant le processus d'attendrissement de la viande (Zhao et al. 2022; della Malva et al. 2023). De plus, cette étude a mis en lumière l'implication des protéines ribosomales dans le muscle post-mortem de la chèvre, soulignant que les protéines qui subissent des modifications durant le stockage connaissent également des transformations d'épissage. La réponse résiliente des cellules musculaires post-mortem face à la privation d'énergie, ainsi que son rôle crucial dans les processus de mort cellulaire nécessitant de l'énergie, comme l'autophagie et l'apoptose, ont été

prises en exergue (Pan et al. 2008; Ubaida-Mohien et al. 2019). Ces observations fournissent des éléments de compréhension des mécanismes moléculaires, qui activent l'apoptose et déterminent la période de stockage post-mortem dans le muscle squelettique (Ouali et al. 2013; Gagaoua et al. 2015a; Longo et al. 2015).

Conclusion et perspectives

Conclusion et perspectives

Le travail de cette thèse a exploré plusieurs aspects de l'élevage caprin et de la qualité de la viande en Kabylie, de la ferme à la viande, en se concentrant sur le muscle, dans le but de proposer des stratégies d'amélioration. Dans un premier temps, une analyse socio-économique et étude des pratiques d'élevages a été effectuée auprès des éleveurs de la Wilaya de Tizi-Ouzou par des enquêtes en élevage. Les enquêtes ont souligné le potentiel prometteur de la région pour l'élevage caprin, une activité qui constitue une importante source de revenus pour la communauté locale en plus des services rendus. Globalement, deux principaux systèmes d'élevages ont été identifiés : extensif et semi-intensif à intensif. Le système extensif est principalement basé sur les ressources naturelles, tandis que le second nécessite un investissement supérieur en intrants et en main-d'œuvre. Plusieurs typologies de pratiques d'élevage ont été identifiées et caractérisées. Cette première partie de la thèse a permis de proposer des recommandations pour améliorer la productivité et préserver la durabilité des ressources génétiques locales.

Parallèlement, l'enquête en ligne menée auprès des consommateurs des régions de Bouira, Bejaia et Tizi Ouzou a révélé que, bien que la viande de poulet soit la plus consommée, la consommation de viande caprine reste modeste en comparaison avec les autres espèces bouchère (poulet , Bovin , ovin, cheval et dromadaire), avec un potentiel de développement en tant que source de protéines durable. Elle a aussi mis en évidence les perceptions et comportements des consommateurs envers la viande caprine et la nécessité de considérer la consommation locale de viande. Cette perspective ouvre la voie à des stratégies visant à renforcer l'industrie caprine algérienne, en tenant compte de l'impact environnemental, notamment sur la gestion des ressources hydriques et la réduction des émissions de méthane.

En se focalisant sur la caractérisation de la viande caprine, notamment sur le muscle *Longissimus thoracis* de jeunes mâles de race croisée Saanen x *Naine* de Kabylie issu d'un système de production extensif (région de Kabylie), les résultats ont révélé une variabilité significative dans la texture évaluée par l'indice de fragmentation et l'activité de l'eau de la viande. Afin de mieux comprendre les mécanismes sous-jacents, une approche protéomique innovante de type shotgun a permis d'identifier des protéines différentielles entre trois classes de qualités tout en révélant pour la première fois les signatures moléculaires associées à la qualité de la viande, Ces signatures englobent un réseau complexe de protéines impliquées dans la structure musculaire, le métabolisme énergétique avec une prédominance de la glycolyse, et

la réponse au stress cellulaire. Elles intègrent également des aspects de la régulation et de la signalisation, de la protéolyse, de l'apoptose, ainsi que du transport, de la liaison et du traitement de l'ARNt. Cette étude se distingue en étant la première à dévoiler, spécifiquement chez la chèvre, les voies métaboliques influençant la qualité de la viande, en particulier en ce qui concerne la texture, abordant la viande dure, tendre et intermédiaire.

En outre, l'étude a considéré simultanément plusieurs paramètres de qualité de la viande caprine, tels que le pH, la couleur, la perte en eau de la viande fraîche et à la cuisson, ainsi que la capacité de rétention d'eau à différents temps de stockage. Cette approche a permis de proposer des biomarqueurs protéiques corrélés à ces différents paramètres de qualité, une première en Algérie pour la caractérisation protéomique de la viande caprine. Grâce à cette approche, plusieurs biomarqueurs candidats liés aux caractéristiques de qualité ont été présélectionnés pour une validation ultérieure, incluant notamment les chaînes légères de myosine, les enzymes glycolytiques, les protéines de choc thermique et diverses protéines de signalisation et de régulation. Ces protéines contribueraient également au processus de découverte de biomarqueurs pour la qualité de la viande caprine, en préparation à une validation ultérieure grâce à des méthodes protéomiques ciblées.

Pour une meilleure compréhension des mécanismes sous-jacents liés à la transformation du muscle en viande, cette thèse s'est aussi intéressée dans une dernière partie à l'étude en cinétique des changements post-mortem dans le muscle *Semitendinosus* au cours de la maturation. Le profilage protéomique temporel du muscle semi-tendineux post-mortem, des changements dynamiques et l'implication de multiples voies biologiques interconnectées ont été mis en évidence, certaines étant récentes même par rapport à d'autres espèces comme le bovin et le porc. Les protéines associées à la liaison, au transport et à l'homéostasie du calcium, ainsi qu'à la contraction et la structure musculaire, ont été identifiées comme ayant une contribution significative au cours du stockage post-mortem. De plus, l'étude a révélé que les voies métaboliques énergétiques et la protéolyse sont actives dès les premières heures post-mortem, tandis que les processus liés au stress oxydatif, à l'hypoxie et à l'homéostasie redox cellulaire, ainsi que les protéines de choc thermique, deviennent dominants après 8 heures post-mortem. Cela suggère que les processus oxydatifs se produisent à une intensité faible ou modérée autour de 1 heure après la mort. Cette étude est la première à révéler ces signatures moléculaires importantes, y compris la vitesse à laquelle elles évoluent. Plusieurs protéines ont été aussi révélées dans le protéome du muscle semi-tendineux de la chèvre, et proposées comme biomarqueurs candidats pour le suivi des changements qui se produisent pendant la phase de

maturation de la viande. Cette étude est pionnière dans la révélation de ces signatures moléculaires importantes, y compris dans l'évolution rapide de ces processus, offrant ainsi une perspective nouvelle sur les mécanismes biochimiques impliqués dans la maturation de la viande de chèvre. Plusieurs protéines identifiées sont proposées comme biomarqueurs candidats pour le suivi des changements durant la phase de maturation de la viande, marquant une avancée significative dans la compréhension des processus post-mortem dans le muscle caprin.

Pour accroître la productivité et garantir la continuité des ressources génétiques caprines locales, l'élaboration de stratégies d'élevage innovantes et la mise en place de mesures de conservation s'avèrent indispensables. L'objectif est de transformer les exploitations de petite taille en systèmes d'élevage plus vastes et mieux structurés. Afin de stimuler cette évolution, il a été proposé de promouvoir la viande de chèvre par une communication ciblée sur ses avantages pour la santé et en fournissant des informations précises sur ses caractéristiques. Des recherches complémentaires sont nécessaires pour confirmer ces observations et comprendre les facteurs influençant les perceptions des consommateurs, nécessitant des échantillons plus représentatifs et des études ciblées sur des populations spécifiques. La mise en place de ces stratégies exige une collaboration soutenue entre éleveurs, chercheurs et décideurs, pour exploiter pleinement les atouts de la viande caprine comme source alimentaire durable et bénéfique.

Ce travail ouvre plusieurs perspectives de recherche et de développement :

- Le développement de programmes de formation pour les éleveurs de Kabylie pour objectif d'améliorer leurs compétences en élevage caprin, comme l'adoption de méthodes d'élevage modernes et durables.
- Elaborer et mettre en œuvre des formations pour améliorer les compétences en élevage caprin.
- Déployer des stratégies de communication pour souligner les avantages pour la santé de la viande caprine et en détailler les caractéristiques.
- Effectuer des études de marché pour déterminer les stratégies qui rendraient la viande caprine plus attrayante pour les consommateurs.
- Utilisation des informations obtenues par l'analyse protéomique pour développer des méthodes d'élevage et de transformation de la viande plus efficaces.
- Approfondir l'étude des facteurs affectant la qualité de la viande post-mortem.

Références bibliographiques

Références bibliographiques

1. Abdallah C., Dumas-Gaudot E., Renaut J. & Sergeant K. (2012) Gel-Based and Gel-Free Quantitative Proteomics Approaches at a Glance. *International journal of plant genomics* 2012, 494572.
2. Abdallah M.-C., Kamel M., Karima B., Samir A., Djamel K., Rachid K. & Khatima A.-O. (2019) Cross-Sectional Survey on *Toxoplasma gondii* Infection in Cattle, Sheep, and Goats in Algeria: Seroprevalence and Risk Factors. *Veterinary Sciences* 6, 63.
3. Abhijith A., Warner R.D., Ha M., Dunshea F.R., Leury B.J., Zhang M., Joy A., Osei-Amponsah R. & Chauhan S.S. (2021) Effect of slaughter age and post-mortem days on meat quality of longissimus and semimembranosus muscles of Boer goats. *Meat science* 175, 108466.
4. Abril M., Campo M.M., Önenç A., Sañudo C., Albertí P. & Negueruela A.I. (2001) Beef colour evolution as a function of ultimate pH. *Meat science* 58, 69-78.
5. Ahuya C.O., Okeyo A.M., Mwangi N. & Peacock C. (2005) Developmental challenges and opportunities in the goat industry: The Kenyan experience. *Small Ruminant Research* 60, 197-206.
6. Ait Issad N., Abdelouahed K., Bekhouche S., Boubeuker R., Hamoudi Adjmi H., Ouchene-Khelifi N.A., Ouchene N., Ait Oudhia K. & Khelef D. (2020) Molecular detection of the B1 gene of *Toxoplasma gondii* in blood samples of female sheep and goats in Tebessa, northeastern Algeria. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases* 72, 101530.
7. Alary V., Corniaux C. & Gautier D. (2011a) Livestock's Contribution to Poverty Alleviation: How to Measure It? *World Development* 39, 1638-48.
8. Alary V., Duteurtre G. & Faye B. (2011b) Elevages et sociétés : les rôles multiples de l'élevage dans les pays tropicaux. *INRA Productions Animales* 24, 145-56.
9. Alexandre G. & Mandonnet N. (2005) Goat meat production in harsh environments. *Small Ruminant Research* 60, 53-66.
10. Andersen J.R., Borggaard C., Rasmussen A.J. & Houmøller L.P. (1999) Optical measurements of pH in meat. *Meat science* 53, 135-41.
11. Anderson M.J., Lonergan S.M. & Huff-Lonergan E. (2014) Differences in phosphorylation of phosphoglucosmutase 1 in beef steaks from the longissimus dorsi with high or low star probe values. *Meat science* 96, 379-84.
12. Anwar R.A. (1990) Elastin: A brief Review. *Biochemical Education* 18, 162-6.
13. Apple J.K. & Yancey J.W.S. (2013) Water-Holding Capacity of Meat. In: *The science of meat quality* (pp. 119-45).
14. Arshad M.S., Sohaib M., Ahmad R.S., Nadeem M.T., Imran A., Arshad M.U., Kwon J.-H. & Amjad Z. (2018) Ruminant meat flavor influenced by different factors with special reference to fatty acids. *Lipids in Health and Disease* 17, 223.
15. Asghar A., Samejima K., Yasui T. & Henrickson R.L. (1985) Functionality of muscle proteins in gelation mechanisms of structured meat products. *C R C Critical Reviews in Food Science and Nutrition* 22, 27-106.
16. Ashmore C. (1974) Phenotypic expression of muscle fiber types and some implications to meat quality. *Journal of animal science* 38, 1158-64.
17. Astruc T. (2014) Carcass composition, muscle structure and contraction. In: *Encyclopedia of Meat Science* (p. np. Carrick Devine & Michael Dikeman, Oxford).
18. Aziz M.A. (2010) Present status of the world goat populations and their productivity. *World* 861, 1.
19. Babiker S.A., El Khider I.A. & Shafie S.A. (1990) Chemical composition and quality attributes of goat meat and lamb. *Meat Sci* 28, 273-7.

20. Bailey A. (1991) The chemistry of natural enzyme-induced cross-links of proteins. *Amino acids* 1, 293-306.
21. Bakhsh A., Ismail I., Hwang Y.H., Lee J.G. & Joo S.T. (2018) Comparison of Blood Loss and Meat Quality Characteristics in Korean Black Goat Subjected to Head-Only Electrical Stunning or without Stunning. *Korean J Food Sci Anim Resour* 38, 1286-93.
22. Baldassini W., Gagaoua M., Santiago B., Rocha L., Torrecilhas J., Torres R., Curi R., Neto O.M., Padilha P., Santos F., Lanna D.P. & Chardulo L.A. (2022) Meat Quality and Muscle Tissue Proteome of Crossbred Bulls Finished under Feedlot Using Wet Distiller Grains By-Product. *Foods* 11, 3233.
23. Bandman E. & Zdanis D. (1988) An immunological method to assess protein degradation in post-mortem muscle. *Meat science* 22, 1-19.
24. Bao G., Liu X., Wang J., Hu J., Shi B., Li S. & Luo Y. (2021) Effects of Slaughter Age on Myosin Heavy Chain Isoforms, Muscle Fibers, Fatty Acids, and Meat Quality in Longissimus Thoracis Muscle of Tibetan Sheep. *Frontiers in Veterinary Science* 8.
25. Bao Y. & Erbjerg P. (2019) Effects of protein oxidation on the texture and water-holding of meat: A review. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition* 59, 3564-78.
26. Bechet D., Tassa A., Taillandier D., Combaret L. & Attaix D. (2005) Lysosomal proteolysis in skeletal muscle. *The international journal of biochemistry & cell biology* 37, 2098-114.
27. Bekhit A. & Faustman C. (2005) Metmyoglobin reducing activity. *Meat Science* 71, 407-39.
28. Bekhit A.A., Hopkins D.L., Geesink G., Bekhit A.A. & Franks P. (2014a) Exogenous Proteases for Meat Tenderization. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition* 54, 1012-31.
29. Bekhit A.E.-D.A., Carne A., Ha M. & Franks P. (2014b) Physical Interventions to Manipulate Texture and Tenderness of Fresh Meat: A Review. *International Journal of Food Properties* 17, 433-53.
30. Beldarrain L.R., Aldai N., Picard B., Sentandreu E., Navarro J.L. & Sentandreu M.A. (2018) Use of liquid isoelectric focusing (OFFGEL) on the discovery of meat tenderness biomarkers. *Journal of proteomics* 183, 25-33.
31. Bendixen E. (2005) The use of proteomics in meat science. *Meat science* 71, 138-49.
32. BERGE P., SAÑUDO C., SANCHEZ A., ALFONSO M., STAMATARIS C., THORKESSON G., PIASENTIER E. & FISHER A.V. (2003) COMPARISON OF MUSCLE COMPOSITION AND MEAT QUALITY TRAITS IN DIVERSE COMMERCIAL LAMB TYPES1. *Journal of Muscle Foods* 14, 281-300.
33. Bernués A., Olaizola A. & Corcoran K. (2003) Labelling information demanded by European consumers and relationships with purchasing motives, quality and safety of meat. *Meat science* 65, 1095-106.
34. Bhat Z.F., Morton J.D., Mason S.L. & Bekhit A.E.-D.A. (2018) Role of calpain system in meat tenderness: A review. *Food Science and Human Wellness* 7, 196-204.
35. Biesalski H.K. (2005) Meat as a component of a healthy diet – are there any risks or benefits if meat is avoided in the diet? *Meat science* 70, 509-24.
36. Bjarnadóttir S.G., Hollung K., Færgestad E.M. & Veiseth-Kent E. (2010) Proteome Changes in Bovine Longissimus Thoracis Muscle during the First 48 h Postmortem: Shifts in Energy Status and Myofibrillar Stability. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 58, 7408-14.
37. Bjarnadóttir S.G., Hollung K., Høy M., Bendixen E., Codrea M.C. & Veiseth-Kent E. (2012) Changes in protein abundance between tender and tough meat from bovine Longissimus thoracis muscle assessed by isobaric Tag for Relative and Absolute

- Quantitation (iTRAQ) and 2-dimensional gel electrophoresis analysis¹. *Journal of animal science* 90, 2035-43.
38. Boatright K.M. & Salvesen G.S. (2003) Mechanisms of caspase activation. *Current opinion in cell biology* 15, 725-31.
 39. Bohley P. & Seglen P.O. (1992) Proteases and proteolysis in the lysosome. *Experientia* 48, 151-7.
 40. Boland M., Kaur L., Chian F.M. & Astruc T. (2019) Muscle proteins. *Encyclopedia of Food Chemistry*; Melton, L., Shahidi, F., Varelis, P., Eds, 164-79.
 41. Boles J.A. & Pegg R. (2010) Meat color. Montana State University and Saskatchewan Food Product Innovation, Program University of Saskatchewan.
 42. Bond J.J. & Warner R.D. (2007) Ion distribution and protein proteolysis affect water holding capacity of *Longissimus thoracis et lumborum* in meat of lamb subjected to antemortem exercise. *Meat science* 75, 406-14.
 43. Bonnet M., Soulat J., Bons J., Léger S., De Koning L., Carapito C. & Picard B. (2020) Quantification of biomarkers for beef meat qualities using a combination of Parallel Reaction Monitoring- and antibody-based proteomics. *Food Chemistry* 317, 126376.
 44. Bonny S.P.F., Gardner G.E., Pethick D.W., Allen P., Legrand I., Wierzbicki J., Farmer L.J., Polkinghorne R.J. & Hocquette J.F. (2017) Untrained consumer assessment of the eating quality of European beef: 2. Demographic factors have only minor effects on consumer scores and willingness to pay. *animal* 11, 1399-411.
 45. Borgogno M., Corazzin M., Saccà E., Bovolenta S. & Piasentier E. (2015) Influence of familiarity with goat meat on liking and preference for capretto and chevon. *Meat Sci* 106, 69-77.
 46. Bouley J., Chambon C. & Picard B. (2004) Mapping of bovine skeletal muscle proteins using two-dimensional gel electrophoresis and mass spectrometry. *Proteomics* 4, 1811-24.
 47. Boyazoglu J., Hatziminaoglou I. & Morand-Fehr P. (2005) The role of the goat in society: Past, present and perspectives for the future. *Small Ruminant Research* 60, 13-23.
 48. Braden K.W. (2013) Converting Muscle to Meat: The Physiology of Rigor. In: *The science of meat quality* (pp. 79-97).
 49. Briskey E.J. (1964) Etiological status and associated studies of pale, soft, exudative porcine musculature. *Advances in food research* 13, 89-178.
 50. Califf R.M. (2018) Biomarker definitions and their applications. *Experimental biology and medicine* (Maywood, N.J.) 243, 213-21.
 51. Campo M., Nute G., Hughes S., Enser M., Wood J. & Richardson R. (2006) Flavour perception of oxidation in beef. *Meat science* 72, 303-11.
 52. Canto A.C., Suman S.P., Nair M.N., Li S., Rentfrow G., Beach C.M., Silva T.J., Wheeler T.L., Shackelford S.D. & Grayson A. (2015a) Differential abundance of sarcoplasmic proteome explains animal effect on beef *Longissimus lumborum* color stability. *Meat science* 102, 90-8.
 53. Canto A.C.V.C.S., Suman S.P., Nair M.N., Li S., Rentfrow G., Beach C.M., Silva T.J.P., Wheeler T.L., Shackelford S.D., Grayson A., McKeith R.O. & King D.A. (2015b) Differential abundance of sarcoplasmic proteome explains animal effect on beef *Longissimus lumborum* color stability. *Meat science* 102, 90-8.
 54. Capetanaki Y., Milner D.J. & Weitzer G. (1997) Desmin in muscle formation and maintenance: knockouts and consequences. *Cell structure and function* 22, 103-16.
 55. Casey N.H. & Webb E.C. (2010) Managing goat production for meat quality. *Small Ruminant Research* 89, 218-24.

56. Cassagnol V. (2018) La race et les caractéristiques de l'animal (sexe, âge, etc.), le mode d'élevage, la maturation et la cuisson contribuent à la qualité sensorielle de la viande bovine. *Viandes & Produits Carnés*, 1.
57. Castro L. & Robaina Piegas R.M. (2003) *Manejo del ganado previo a la faena y su relación con la calidad de la carne*.
58. Chekikene A., Souames S., Meklati F., Idres T., Benhenia K. & Lamara A. (2021) Les chèvres locales algériennes: Etat des lieux de leur élevage et de leur caractérisation morphogénétique. *Livestock Research for Rural Development* 33.
59. Chen X., Tume R.K., Xu X. & Zhou G. (2017) Solubilization of myofibrillar proteins in water or low ionic strength media: Classical techniques, basic principles, and novel functionalities. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition* 57, 3260-80.
60. Choi Y.M. & Kim B.C. (2009) Muscle fiber characteristics, myofibrillar protein isoforms, and meat quality. *Livestock Science* 122, 105-18.
61. Christensen L., Bertram H.C., Aaslyng M.D. & Christensen M. (2011a) Protein denaturation and water-protein interactions as affected by low temperature long time treatment of porcine Longissimus dorsi. *Meat science* 88, 718-22.
62. Christensen L., Ertbjerg P., Aaslyng M.D. & Christensen M. (2011b) Effect of prolonged heat treatment from 48°C to 63°C on toughness, cooking loss and color of pork. *Meat science* 88, 280-5.
63. Clark K.A., McElhinny A.S., Beckerle M.C. & Gregorio C.C. (2002) Striated muscle cytoarchitecture: an intricate web of form and function. *Annual review of cell and developmental biology* 18, 637-706.
64. Combes S., Lepetit J., Darche B. & Lebas F. (2004) Effect of cooking temperature and cooking time on Warner-Bratzler tenderness measurement and collagen content in rabbit meat. *Meat science* 66, 91-6.
65. D'Alessandro A. & Zolla L. (2013) Meat science: From proteomics to integrated omics towards system biology. *Journal of proteomics* 78, 558-77.
66. Dang D.S., Buhler J.F., Davis H.T., Thornton K.J., Scheffler T.L. & Matarneh S.K. (2020) Inhibition of mitochondrial calcium uniporter enhances postmortem proteolysis and tenderness in beef cattle. *Meat Sci* 162, 108039.
67. Debelle L. & Alix A.J. (1999) The structures of elastins and their function. *Biochimie* 81, 981-94.
68. Dekhili M., Bounechada M. & Mannalah I. (2013) Multivariate analyses of morphological traits in Algerian goats, Sétif, north-eastern Algeria. *Animal Genetic Resources/Resources génétiques animales/Recursos genéticos animales* 52, 51-7.
69. Delage J.P. (2012) Muscles et tissu conjonctif. Données histologiques. *Annales de Chirurgie Plastique Esthétique* 57, 484-90.
70. Della Malva A., Maggiolino A., De Palo P., Albenzio M., Lorenzo J.M., Sevi A. & Marino R. (2022) Proteomic analysis to understand the relationship between the sarcoplasmic protein patterns and meat organoleptic characteristics in different horse muscles during aging. *Meat Sci* 184, 108686.
71. della Malva A., Santillo A., Priolo A., Marino R., Ciliberti M.G., Sevi A. & Albenzio M. (2023) Effect of hazelnut skin by-product supplementation in lambs' diets: Implications on plasma and muscle proteomes and first insights on the underlying mechanisms. *Journal of proteomics* 271, 104757.
72. Delwiche J. (2004) The impact of perceptual interactions on perceived flavor. *Food Quality and preference* 15, 137-46.
73. Desai M.A., Jackson V., Zhai W., Suman S.P., Nair M.N., Beach C.M. & Schilling M.W. (2016) Proteome basis of pale, soft, and exudative-like (PSE-like) broiler breast (Pectoralis major) meat. *Poultry Science* 95, 2696-706.

74. Desai M.A., Joseph P., Suman S.P., Silva J.L., Kim T. & Schilling M.W. (2014) Proteome basis of red color defect in channel catfish (*Ictalurus punctatus*) fillets. *LWT - Food Science and Technology* 57, 141-8.
75. Devendra C. (2010) Concluding synthesis and the future for sustainable goat production. *Small Ruminant Research* 89, 125-30.
76. Devine C.E., Ellery S. & Averill S. (1984) Responses of different types of ox muscle to electrical stimulation. *Meat science* 10, 35-51.
77. Dhanda J.S., Taylor D.G. & Murray P.J. (2003) Part 1. Growth, carcass and meat quality parameters of male goats: effects of genotype and liveweight at slaughter. *Small ruminant research* 50, 57-66.
78. Di Luca A., Elia G., Hamill R. & Mullen A.M. (2013) 2D DIGE proteomic analysis of early post mortem muscle exudate highlights the importance of the stress response for improved water-holding capacity of fresh pork meat. *Proteomics* 13, 1528-44.
79. Di Luca A., Hamill R.M., Mullen A.M., Slavov N. & Elia G. (2016) Comparative Proteomic Profiling of Divergent Phenotypes for Water Holding Capacity across the Post Mortem Ageing Period in Porcine Muscle Exudate. *PLOS ONE* 11, e0150605.
80. Di Luca A., Mullen A.M., Elia G., Davey G. & Hamill R.M. (2011) Centrifugal drip is an accessible source for protein indicators of pork ageing and water-holding capacity. *Meat science* 88, 261-70.
81. Ding W., Kou L., Cao B. & Wei Y. (2010) Meat quality parameters of descendants by grading hybridization of Boer goat and Guanzhong Dairy goat. *Meat science* 84, 323-8.
82. Ding Z., Huang F., Zhang C., Zhang L., Sun H. & Zhang H. (2018) Effect of heat shock protein 27 on the in vitro degradation of myofibrils by caspase-3 and μ -calpain. *International Journal of Food Science & Technology* 53, 121-8.
83. Djagba A.Y., Bonfoh B., Bassowa H., Aklikokou K. & Kanour N.g. (2020) Etat des lieux de l'élevage caprin en milieu paysan au Togo. *Revue d'élevage et de médecine vétérinaire des pays tropicaux* 73, 11-9.
84. Djouza L. & Chehma A. (2018) Production characteristics of Arabia goats in Biskra wilayah, Algeria. *Livestock Research for Rural Development* 30.
85. Doherty M.K., McLean L., Hayter J.R., Pratt J.M., Robertson D.H., El-Shafei A., Gaskell S.J. & Beynon R.J. (2004) The proteome of chicken skeletal muscle: changes in soluble protein expression during growth in a layer strain. *Proteomics* 4, 2082-93.
86. Dosseh H.K., Ahozonlin M.C. & Dossa L.H. (2021) Comparison of some zootechnical performances of local and Red Maradi goats reared under smallholder production systems in the Sudanian zone of Benin. *Veterinary and Animal Science* 14, 100210.
87. Duance V., Restall D., Beard H., Bourne F. & Bailey A. (1977) The location of three collagen types in skeletal muscle. *FEBS letters* 79, 248-52.
88. Dubeuf J.P., Morand-Fehr P. & Rubino R. (2004) Situation, changes and future of goat industry around the world. *Small Ruminant Research* 51, 165-73.
89. Dudek K., Sevimli U., Migliore S., Jafarizadeh A., Loria G.R. & Nicholas R.A. (2022) Vaccines for Mycoplasma Diseases of Small Ruminants: A Neglected Area of Research. *Pathogens* 11, 75.
90. Eby S.F., Cloud B.A., Brandenburg J.E., Giambini H., Song P., Chen S., LeBrosseur N.K. & An K.-N. (2015) Shear wave elastography of passive skeletal muscle stiffness: influences of sex and age throughout adulthood. *Clinical biomechanics* 30, 22-7.
91. Ekanem E.P., Mafuyai-Ekanem M., Tagegne F., Singh S.P. & Favors D. (2013) Goat Meat Consumer Preferences: Implications for Goat Meat Marketing in Metropolitan Nashville, Tennessee Area. *Journal of food distribution research* 44.
92. Ellies-Oury M.-P., Pierret P., Jouanno M. & Cointault F. (2016) Jugement de la couleur des carcasses en abattoir. *Viandes & Produits Carnés*, 1.

93. Elmore J. & Mottram D. (2009) Flavour development in meat. Improving the sensory and nutritional quality of fresh meat, 111-46.
94. England E.M., Matarneh S.K., Mitacek R.M., Abraham A., Ramanathan R., Wicks J.C., Shi H., Scheffler T.L., Oliver E.M. & Helm E.T. (2018) Presence of oxygen and mitochondria in skeletal muscle early postmortem. *Meat Science* 139, 97-106.
95. England E.M., Matarneh S.K., Scheffler T.L. & Gerrard D.E. (2017) Chapter 4 - Perimortal Muscle Metabolism and its Effects on Meat Quality. In: *New Aspects of Meat Quality* (ed. by P.P. Purslow), pp. 63-89. Woodhead Publishing.
96. England E.M., Scheffler T.L., Kasten S.C., Matarneh S.K. & Gerrard D.E. (2013) Exploring the unknowns involved in the transformation of muscle to meat. *Meat science* 95, 837-43.
97. Ertbjerg P. & Puolanne E. (2017) Muscle structure, sarcomere length and influences on meat quality: A review. *Meat science* 132, 139-52.
98. Ferguson D. & Gerrard D. (2014) Regulation of post-mortem glycolysis in ruminant muscle. *Animal Production Science* 54, 464-81.
99. Ferreira A.V., Hoffman L.C. & Sheridan R. (2003) Meat quality of Boer goat kids and Mutton Merino lambs 1. Commercial yields and chemical composition. *Animal Science* 76, 63-71.
100. Fidziańska A., Kamińska A. & Glinka Z. (1991) Muscle cell death. Ultrastructural differences between muscle cell necrosis and apoptosis. *Neuropatologia Polska* 29, 19-28.
101. Fikru S. & Gebeyew K. (2015) Sheep and goat production systems in Degehabur Zone, Eastern Ethiopia: challenge and opportunities. *Advances in Dairy Research*, 1-9.
102. Fisher A.B. (2017) Peroxiredoxin 6 in the repair of peroxidized cell membranes and cell signaling. *Archives of biochemistry and biophysics* 617, 68-83.
103. Fjelkner-Modig S. & Rudérus H. (1983) The influence of exhaustion and electrical stimulation on the meat quality of young bulls: Part 1—Post-mortem pH and temperature. *Meat science* 8, 185-201.
104. Fletcher D.L. (2002) Poultry meat quality. *World's Poultry Science Journal* 58, 131-45.
105. Font-i-Furnols M. & Guerrero L. (2014) Consumer preference, behavior and perception about meat and meat products: An overview. *Meat science* 98, 361-71.
106. Frontera W.R. & Ochala J. (2015) Skeletal muscle: a brief review of structure and function. *Calcified tissue international* 96, 183-95.
107. Gabli A., Agabou A. & Gabli Z. (2015) Brucellosis in nomadic pastoralists and their goats in two provinces of the eastern Algerian high plateaus. *Tropical animal health and production* 47, 1043-8.
108. Gagaoua M. (2021) The path from protein profiling to biomarkers: The potential of proteomics and data integration in beef quality research. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science* 854, 012029.
109. Gagaoua M., Alessandroni L., Das A., Lamri M., Bhattacharya D., Nanda P.K. & Das A.K. (2023) Intrinsic and extrinsic factors impacting fresh goat meat quality: An overview. *Scientific journal "Meat Technology"* 64, 20-40.
110. Gagaoua M., Bonnet M., Ellies-Oury M.-P., De Koning L. & Picard B. (2018a) Reverse phase protein arrays for the identification/validation of biomarkers of beef texture and their use for early classification of carcasses. *Food Chemistry* 250, 245-52.
111. Gagaoua M., Bonnet M. & Picard B. (2020a) Protein array-based approach to evaluate biomarkers of beef tenderness and marbling in cows: Understanding of the underlying mechanisms and prediction. *Foods* 9, 1180.
112. Gagaoua M., Couvreur S., Le Bec G., Aminot G. & Picard B. (2017a) Associations among Protein Biomarkers and pH and Color Traits in Longissimus thoracis and Rectus

- abdominis Muscles in Protected Designation of Origin Maine-Anjou Cull Cows. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 65, 3569-80.
113. Gagaoua M., Duffy G., Alvarez C., Burgess C.M., Hamill R., Crofton E., Botinestean C., Ferragina A., Cafferky J., Mullen A.M. & Troy D. (2022a) Current research and emerging tools to improve fresh red meat quality. *Irish Journal of Agricultural and Food Research* 61.
 114. Gagaoua M., Hafid K., Boudida Y., Becila S., Ouali A., Picard B., Boudjellal A. & Sentandreu M.A. (2015a) Caspases and Thrombin Activity Regulation by Specific Serpin Inhibitors in Bovine Skeletal Muscle. *Appl Biochem Biotechnol* 177, 279-303.
 115. Gagaoua M., Hughes J., Terlouw E.M.C., Warner R.D., Purslow P.P., Lorenzo J.M. & Picard B. (2020b) Proteomic biomarkers of beef colour. *Trends in Food Science & Technology* 101, 234-52.
 116. Gagaoua M. & Picard B. (2020a) Current Advances in Meat Nutritional, Sensory and Physical Quality Improvement. *Foods* 9, 321.
 117. Gagaoua M. & Picard B. (2020b) Muscle Fiber Properties in Cattle and Their Relationships with Meat Qualities: An Overview. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 68, 6021–39.
 118. Gagaoua M. & Picard B. (2022) Chapter 14 - Proteomics to explain and predict meat quality. In: *New Aspects of Meat Quality (Second Edition)* (ed. by P. Purslow), pp. 393-431. Woodhead Publishing.
 119. Gagaoua M., Picard B., Soulat J. & Monteils V. (2018b) Clustering of sensory eating qualities of beef: Consistencies and differences within carcass, muscle, animal characteristics and rearing factors. *Livestock Science* 214, 245-58.
 120. Gagaoua M., Schilling W.M., Zhang X. & Suman S.P. (2022b) Applications of proteomics in meat research. In: *Reference Module in Food Science* (Elsevier).
 121. Gagaoua M., Schilling W.M., Zhang X. & Suman S.P. (2024) Applications of proteomics in meat research. In: *Encyclopedia of Meat Sciences (Third Edition)* (ed. by M. Dikeman), pp. 513-27. Elsevier, Oxford.
 122. Gagaoua M., Terlouw C. & Picard B. (2021a) Apport de la protéomique à la découverte de biomarqueurs pour l'étude de la couleur de la viande bovine. *INRAE Productions Animales* 34, 227-44.
 123. Gagaoua M., Terlouw C., Richardson I., Hocquette J.-F. & Picard B. (2019) The associations between proteomic biomarkers and beef tenderness depend on the end-point cooking temperature, the country origin of the panelists and breed. *Meat science* 157, 107871.
 124. Gagaoua M., Terlouw E.C., Mullen A.M., Franco D., Warner R.D., Lorenzo J.M., Purslow P.P., Gerrard D., Hopkins D.L. & Troy D. (2021b) Molecular signatures of beef tenderness: Underlying mechanisms based on integromics of protein biomarkers from multi-platform proteomics studies. *Meat science* 172, 108311.
 125. Gagaoua M., Terlouw E.C. & Picard B. (2017b) The study of protein biomarkers to understand the biochemical processes underlying beef color development in young bulls. *Meat Science* 134, 18-27.
 126. Gagaoua M., Terlouw E.M.C., Micol D., Boudjellal A., Hocquette J.-F. & Picard B. (2015b) Understanding Early Post-Mortem Biochemical Processes Underlying Meat Color and pH Decline in the Longissimus thoracis Muscle of Young Blond d'Aquitaine Bulls Using Protein Biomarkers. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 63, 6799-809.
 127. Gagaoua M., Terlouw E.M.C., Micol D., Hocquette J.F., Moloney A.P., Nuernberg K., Bauchart D., Boudjellal A., Scollan N.D., Richardson R.I. & Picard B. (2016) Sensory

- quality of meat from eight different types of cattle in relation with their biochemical characteristics. *Journal of Integrative Agriculture* 15, 1550-63.
128. Gagaoua M., Terlouw E.M.C., Mullen A.M., Franco D., Warner R.D., Lorenzo J.M., Purslow P.P., Gerrard D., Hopkins D.L., Troy D. & Picard B. (2021c) Molecular signatures of beef tenderness: Underlying mechanisms based on integromics of protein biomarkers from multi-platform proteomics studies. *Meat science* 172, 108311.
 129. Gagaoua M., Troy D. & Mullen A.M. (2021d) The Extent and Rate of the Appearance of the Major 110 and 30 kDa Proteolytic Fragments during Post-Mortem Aging of Beef Depend on the Glycolysing Rate of the Muscle and Aging Time: An LC-MS/MS Approach to Decipher Their Proteome and Associated Pathways. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 69, 602-14.
 130. Gagaoua M., Warner R.D., Purslow P., Ramanathan R., Mullen A.M., López-Pedrouso M., Franco D., Lorenzo J.M., Tomasevic I., Picard B., Troy D. & Terlouw E.M.C. (2021e) Dark-cutting beef: A brief review and an integromics meta-analysis at the proteome level to decipher the underlying pathways. *Meat Sci* 181, 108611.
 131. Galal S. (2005) Biodiversity in goats. *Small ruminant research* 60, 75-81.
 132. Galińska-Rakoczy A., Engel P., Xu C., Jung H., Craig R., Tobacman L.S. & Lehman W. (2008) Structural basis for the regulation of muscle contraction by troponin and tropomyosin. *Journal of molecular biology* 379, 929-35.
 133. Gao X., Zhao D., Wang L., Cui Y., Wang S., Lv M., Zang F. & Dai R. (2021) Proteomic Changes in Sarcoplasmic and Myofibrillar Proteins Associated with Color Stability of Ovine Muscle during Post-Mortem Storage. *Foods (Basel, Switzerland)* 10, 2989.
 134. García E.M., López A., Zimmerman M., Hernández O., Arroquy J.I. & Nazareno M.A. (2019) Enhanced oxidative stability of meat by including tannin-rich leaves of woody plants in goat diet. *Asian-Australasian journal of animal sciences* 32, 1439-47.
 135. Gault M., Duffett S., Purchase L. & Murphy J. (1992) Hemodialysis intravascular hemolysis and kinked blood lines. *Nephron* 62, 267-71.
 136. Gault N. (1992) Structural aspects of raw meat. *SPECIAL PUBLICATION-ROYAL SOCIETY OF CHEMISTRY* 106, 79-.
 137. Geesink G.H. & Veiseth E. (2008) Muscle enzymes: proteinases. In: *Handbook of muscle foods analysis* (pp. 111-30. CRC Press.
 138. Gelse K., Pöschl E. & Aigner T. (2003) Collagens—structure, function, and biosynthesis. *Advanced Drug Delivery Reviews* 55, 1531-46.
 139. Gispert Muñoz A.C., Pedraza Olivera R.M., Montes de Oca R.V. & Bidot Fernández A.I. (2019) Características generales de sistemas familiares de producción caprina del municipio Camagüey, Cuba. *Revista de Producción Animal* 31, 88-94.
 140. Gnanda B.I., N'Diaye A., Sanon H., Somda J. & Nianogo A. (2016) Role and position of the goat in households of the Burkinabian Sahel. *Tropicultura* 34, 10-25.
 141. Goll D.E., Neti G., Mares S.W. & Thompson V.F. (2008) Myofibrillar protein turnover: The proteasome and the calpains^{1,2}. *Journal of animal science* 86, E19-E35.
 142. GOLL D.E., THOMPSON V.F., LI H., WEI W. & CONG J. (2003) The Calpain System. *Physiological Reviews* 83, 731-801.
 143. Gomes A.V., Potter J.D. & Szczesna-Cordary D. (2002) The role of troponins in muscle contraction. *IUBMB life* 54, 323-33.
 144. Gracia A. & de-Magistris T. (2013) Preferences for lamb meat: A choice experiment for Spanish consumers. *Meat science* 95, 396-402.
 145. Gracinda Andre M., Carina V. & Alcides S. (2021) Smallholder Goat Production in Southern Africa: A Review. In: *Goat Science* (ed. by K. Sándor), p. Ch. 7. IntechOpen, Rijeka.

146. Grau R. & Hamm R. (1953) Eine einfache methode zur bestimmung der wasserbindung im muskel. *Naturwissenschaften* 40, 29-30.
147. Greaser M. (1986) Conversion of muscle to meat. *Muscle as food*, 37-102.
148. Gregory N.G. & Grandin T. (1998) *Animal welfare and meat science*. CABI Pub. Boston, MA, USA.
149. Grilo A.L. & Mantalaris A. (2019) Apoptosis: A mammalian cell bioprocessing perspective. *Biotechnology advances* 37, 459-75.
150. Grunert K.G., Bredahl L. & Brunsø K. (2004) Consumer perception of meat quality and implications for product development in the meat sector-a review. *Meat Sci* 66, 259-72.
151. Gu M., Wei Y., Jiao Y., Zhang D. & Liu Y. (2022) Insights from proteome to phosphorylated proteome: deciphering different regulatory mechanisms in goat muscles with high- and low-meat quality. *International Journal of Food Science & Technology* 57, 3532-43.
152. Gu M., Wei Y., Zhang D. & Liu Y. (2020) iTRAQ based proteomic profile analysis for goat *Longissimus thoracis* under repeated freeze-thaw treatments. *LWT* 134, 109934.
153. Guérin C. (2016) From Muscle to Meat and Meat Products. In: *Handbook of Food Science and Technology* 3 (pp. 65-114).
154. Guillemin N., Meunier B., Jurie C., Cassar-Malek I., Hocquette J.-F., Levéziel H. & Picard B. (2009) Validation of a Dot-Blot quantitative technique for large scale analysis of beef tenderness biomarkers. *Journal of Physiology and Pharmacology* 60, 91-7.
155. Hadbaoui I. (2013) Les parcours steppiques dans la région de M'Sila: quelle gestion pour quel devenir. *Mémoire de Magistère, Université Kasdi Merbah, Ouargla*.
156. Hadjigeorgiou I. (2011) Past, present and future of pastoralism in Greece. *Pastoralism: research, policy and practice* 1, 24.
157. Hafid K., Gagaoua M., Boudechicha H.-R., Nait-Rabah S., Ziane F., Sellama M., Becila S. & Boudjellal A. (2016) A Comparison of the Carcass and Meat Quality of ISA (F15) Spent Hens Slaughtered at Two Different Ages. *American Journal of Food Technology* 11, 134-42.
158. Hafid N. & Toufik M. (2015) Chemical composition of ruminant meats in Algeria: Effects of species, age, gender and muscles. 27.
159. Haif A., Khelifi-Ouchene N.A., Khelifi M., Ouchetati I., Zeroual F. & Ouchene N. (2021) Abortive diseases and their various associated risk factors in small ruminants in Algeria: a systematic review. *Tropical animal health and production* 53, 520.
160. Hailat N., Brown C., Houari H., Al-Khlouf S., Abdelrahman A., Abu-Aziz B. & Masoud G. (2018) Assessment of Peste des petits ruminants (PPR) in the Middle East and North Africa region. *Pak Vet J* 38, 113-5.
161. Hamm R. (1986) Functional properties of the myofibrillar system and their measurements.
162. Han Z., Chang C., Zhu W., Zhang Y., Zheng J., Kang X., Jin G. & Gong Z. (2021) Role of SIRT2 in regulating the dexamethasone-activated autophagy pathway in skeletal muscle atrophy. *Biochemistry and Cell Biology* 99, 562-9.
163. Harper G.S. (1999) Trends in skeletal muscle biology and the understanding of toughness in beef. *Australian Journal of Agricultural Research* 50, 1105-29.
164. Henckel P., Karlsson A.H., Jensen M.T., Oksbjerg N. & Petersen J.S. (2002) Metabolic conditions in Porcine longissimus muscle immediately pre-slaughter and its influence on peri- and post mortem energy metabolism. *Meat science* 62 2, 145-55.
165. Hernández B., Sáenz C., Alberdi C. & Diñeiro J.M. (2016) CIELAB color coordinates versus relative proportions of myoglobin redox forms in the description of fresh meat appearance. *Journal of Food Science and Technology* 53, 4159-67.

166. Hoffman L., Muller M., Schutte D.W., Calitz F. & Crafford K. (2005) Consumer expectations, perceptions and purchasing of South African game meat. *South African Journal of Wildlife Research-24-month delayed open access* 35, 33-42.
167. Hoffman L.C. & Wiklund E. (2006) Game and venison – meat for the modern consumer. *Meat science* 74, 197-208.
168. Hogg B.W., Mercer G.J.K., Mortimer B.J., Kirton A.H. & Duganzich D.M. (1992) Carcass and meat quality attributes of commercial goats in New Zealand. *Small Ruminant Research* 8, 243-56.
169. Hollung K., Veiseth E., Jia X., Færgestad E.M. & Hildrum K.I. (2007) Application of proteomics to understand the molecular mechanisms behind meat quality. *Meat science* 77, 97-104.
170. Holman B.W. & Hopkins D.L. (2021) The use of conventional laboratory-based methods to predict consumer acceptance of beef and sheep meat: A review. *Meat science* 181, 108586.
171. Holmes J. & Ashmore C. (1972) A histochemical study of development of muscle fiber type and size in normal and "double muscled" cattle. *Growth* 36, 351-72.
172. Honikel K., Kim C., Hamm R. & Roncales P. (1986) Sarcomere shortening of prerigor muscles and its influence on drip loss. *Meat Science* 16, 267-82.
173. Honikel K.O. (2014) CONVERSION OF MUSCLE TO MEAT | Glycolysis. In: *Encyclopedia of Meat Sciences (Second Edition)* (ed. by M. Dikeman & C. Devine), pp. 353-7. Academic Press, Oxford.
174. Honikel K.O. & Hamm R. (1994) Measurement of water-holding capacity and juiciness. In: *Quality Attributes and their Measurement in Meat, Poultry and Fish Products* (ed. by A.M. Pearson & T.R. Dutson), pp. 125-61. Springer US, Boston, MA.
175. Hopkins D.L. & Ertbjerg P. (2023) Chapter 12 - The eating quality of meat: II—Tenderness. In: *Lawrie's Meat Science (Ninth Edition)* (ed. by F. Toldrá), pp. 393-420. Woodhead Publishing.
176. Hopkins D.L., Littlefield P.J. & Thompson J.M. (2000) A research note on factors affecting the determination of myofibrillar fragmentation. *Meat science* 56, 19-22.
177. Hossain M., Akhtar A., Hossain M., Choudhury M. & Islam F. (2015) Goat husbandry practices in Southern region of Bangladesh. *J. Biosci. Agric. Res* 5, 59-64.
178. Huang C., Hou C., Ijaz M., Yan T., Li X., Li Y. & Zhang D. (2020) Proteomics discovery of protein biomarkers linked to meat quality traits in post-mortem muscles: Current trends and future prospects: A review. *Trends in Food Science & Technology* 105, 416-32.
179. Huang H., Larsen M.R., Palmisano G., Dai J. & Lametsch R. (2014) Quantitative phosphoproteomic analysis of porcine muscle within 24h postmortem. *Journal of proteomics* 106, 125-39.
180. Huang J. & Forsberg N.E. (1998) Role of calpain in skeletal-muscle protein degradation. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 95, 12100-5.
181. Huff-Lonergan E. (2014) TENDERIZING MECHANISMS | Enzymatic. In: *Encyclopedia of Meat Sciences (Second Edition)* (ed. by M. Dikeman & C. Devine), pp. 438-42. Academic Press, Oxford.
182. Huff-Lonergan E. & Lonergan S.M. (2005) Mechanisms of water-holding capacity of meat: The role of postmortem biochemical and structural changes. *Meat Science* 71, 194-204.
183. Huff-Lonergan E., Mitsuhashi T., Beekman D.D., Parrish Jr F.C., Olson D.G. & Robson R.M. (1996) Proteolysis of specific muscle structural proteins by μ -calpain at low pH and temperature is similar to degradation in postmortem bovine muscle. *Journal of animal science* 74, 993-1008.

184. Huff-Lonergan E., Parrish Jr F.C. & Robson R.M. (1995) Effects of postmortem aging time, animal age, and sex on degradation of titin and nebulin in bovine longissimus muscle. *Journal of animal science* 73, 1064-73.
185. Huff Lonergan E., Zhang W. & Lonergan S.M. (2010) Biochemistry of postmortem muscle — Lessons on mechanisms of meat tenderization. *Meat science* 86, 184-95.
186. Huffman K., Miller M., Hoover L., Wu C., Brittin H. & Ramsey C. (1996) Effect of beef tenderness on consumer satisfaction with steaks consumed in the home and restaurant. *Journal of animal science* 74, 91-7.
187. Hughes J., Oiseth S., Purslow P. & Warner R. (2014) A structural approach to understanding the interactions between colour, water-holding capacity and tenderness. *Meat Science* 98, 520-32.
188. Hwang I.H., Park B.Y., Cho S.H., Kim J.H., Choi Y.S. & Lee J.M. (2004) Identification of Muscle Proteins Related to Objective Meat Quality in Korean Native Black Pig. *Asian-Australas J Anim Sci* 17, 1599-607.
189. Hwang I.H., Park B.Y., Kim J.H., Cho S.H. & Lee J.M. (2005) Assessment of postmortem proteolysis by gel-based proteome analysis and its relationship to meat quality traits in pig longissimus. *Meat science* 69, 79-91.
190. Jennen D.G.J., Brings A.D., Liu G., Jüngst H., Tholen E., Jonas E., Tesfaye D., Schellander K. & Phatsara C. (2007) Genetic aspects concerning drip loss and water-holding capacity of porcine meat. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 124, 2-11.
191. Ji C., Liu J. & Luo R. (2022) Regulatory role of mitochondrial genes in the tenderisation of lamb meat during postmortem ageing. *International Journal of Food Science & Technology* 57, 3544-55.
192. Jia W., Shi Q., Zhang R., Shi L. & Chu X. (2021) Unraveling proteome changes of irradiated goat meat and its relationship to off-flavor analyzed by high-throughput proteomics analysis. *Food Chemistry* 337, 127806.
193. Jia W., Zhang R., Liu L., Zhu Z., Mo H., Xu M., Shi L. & Zhang H. (2022) Proteomics analysis to investigate the impact of diversified thermal processing on meat tenderness in Hengshan goat meat. *Meat science* 183, 108655.
194. Jia X., Ekman M., Grove H., Færgestad E.M., Aass L., Hildrum K.I. & Hollung K. (2007) Proteome changes in bovine longissimus thoracis muscle during the early postmortem storage period. *Journal of proteome research* 6, 2720-31.
195. Jia X., Hildrum K.I., Westad F., Kummen E., Aass L. & Hollung K. (2006) Changes in Enzymes Associated with Energy Metabolism during the Early Post Mortem Period in Longissimus Thoracis Bovine Muscle Analyzed by Proteomics. *Journal of proteome research* 5, 1763-9.
196. Jia X., Veiseth-Kent E., Grove H., Kuziora P., Aass L., Hildrum K.I. & Hollung K. (2009) Peroxiredoxin-6—A potential protein marker for meat tenderness in bovine longissimus thoracis muscle1. *Journal of animal science* 87, 2391-9.
197. Johnson D.D., McGowan C.H., Nurse G. & Anous M.R. (1995) Breed type and sex effects on carcass traits, composition and tenderness of young goats. *Small Ruminant Research* 17, 57-63.
198. Joseph P., Nair M.N. & Suman S.P. (2015) Application of proteomics to characterize and improve color and oxidative stability of muscle foods. *Food Research International* 76, 938-45.
199. Joseph P., Suman S.P., Rentfrow G., Li S. & Beach C.M. (2012) Proteomics of Muscle-Specific Beef Color Stability. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 60, 3196-203.

200. Jousse F., Jongen T., Agterof W., Russell S. & Braat P. (2002) Simplified kinetic scheme of flavor formation by the Maillard reaction. *Journal of Food Science* 67, 2534-42.
201. Juma G., Ngigi M.W., Baltenweck I. & Drucker A.G. (2010) Consumer demand for sheep and goat meat in Kenya. *Small Ruminant Research* 90, 135-8.
202. Kadi S., Hassini F., Lounas N. & Mouhous A. (2014) Caractérisation de l'élevage caprin dans la région montagneuse de Kabylie en Algérie. In: *8th International Seminar FAO-CIHEAM Network on Sheep and Goats "Technology creation and transfer in small ruminants: Roles of research, development services and farmer associations*, pp. 451-6.
203. Kadim I. & Mahgoub O. (2012) Nutritive value and quality characteristics of goat meat. *Goat meat production and quality*, 292-323.
204. Kadim I., Mahgoub O., Al-Kindi A., Al-Marzooqi W. & Al-Saqri N. (2006) Effects of transportation at high ambient temperatures on physiological responses, carcass and meat quality characteristics of three breeds of Omani goats. *Meat Science* 73, 626-34.
205. Kadim I.T., Mahgoub O., Al-Ajmi D.S., Al-Maqbaly R.S., Al-Saqri N.M. & Ritchie A. (2004) An evaluation of the growth, carcass and meat quality characteristics of Omani goat breeds. *Meat science* 66, 203-10.
206. Kadim I.T., Mahgoub O. & Khalaf S. (2014) Effects of the transportation during hot season and electrical stimulation on meat quality characteristics of goat Longissimus dorsi muscle. *Small ruminant research* 121, 120-4.
207. Kannan G., Gadiyaram K.M., Galipalli S., Carmichael A., Kouakou B., Pringle T.D., McMillin K.W. & Gelaye S. (2006) Meat quality in goats as influenced by dietary protein and energy levels, and postmortem aging. *Small Ruminant Research* 61, 45-52.
208. Kannan G., Kouakou B. & Gelaye S. (2001) Color changes reflecting myoglobin and lipid oxidation in chevon cuts during refrigerated display. *Small ruminant research* 42, 67-74.
209. Kannan G., Kouakou B., Terrill T.H. & Gelaye S. (2003) Endocrine, blood metabolite, and meat quality changes in goats as influenced by short-term, preslaughter stress1. *Journal of Animal Science* 81, 1499-507.
210. Kannan G., Lee J. & Kouakou B. (2014) Chevon quality enhancement: Trends in pre- and post-slaughter techniques. *Small ruminant research* 121, 80-8.
211. Kannan G., Terrill T., Kouakou B., Gazal O., Gelaye S., Amoah E. & Samake S. (2000) Transportation of goats: effects on physiological stress responses and live weight loss. *Journal of Animal Science* 78, 1450-7.
212. Kannan G., Terrill T., Kouakou B., Gelaye S. & Amoah E. (2002) Simulated preslaughter holding and isolation effects on stress responses and live weight shrinkage in meat goats. *Journal of Animal Science* 80, 1771-80.
213. Kanner J. (1994) Oxidative processes in meat and meat products: quality implications. *Meat science* 36, 169-89.
214. Kantono K., Hamid N., Ma Q., Chadha D. & Oey I. (2021) Consumers' perception and purchase behaviour of meat in China. *Meat science* 179, 108548.
215. Kardjadj M. (2017) An epidemiological overview of small ruminant diseases in Algeria. *Revue Scientifique et Technique - Office International des Épizooties* 36, 997-1006.
216. Kaur L., Hui S.X. & Boland M. (2020) Changes in cathepsin activity during low-temperature storage and sous vide processing of beef brisket. *Food science of animal resources* 40, 415.
217. Kawashima Y., Watanabe E., Umeyama T., Nakajima D., Hattori M., Honda K. & Ohara O. (2019) Optimization of Data-Independent Acquisition Mass Spectrometry for

- Deep and Highly Sensitive Proteomic Analysis. *International Journal of Molecular Sciences* 20, 5932.
218. Kdidi S., Yahyaoui M.H., Conte M., Chiappini B., Hammadi M., Khorchani T. & Vaccari G. (2021) Genetic Variation in the Prion Protein Gene (PRNP) of Two Tunisian Goat Populations. *Animals* 11, 1635.
 219. Kemp C.M., Sensky P.L., Bardsley R.G., Buttery P.J. & Parr T. (2010) Tenderness—An enzymatic view. *Meat science* 84, 248-56.
 220. Kerry J. & Ledward D. (2009) *Improving the sensory and nutritional quality of fresh meat* Woodhead Publishing Ltd. Great Abington, Cambridge.
 221. Kerth C.R. & Miller R.K. (2015) Beef flavor: a review from chemistry to consumer. *Journal of the Science of Food and Agriculture* 95, 2783-98.
 222. Khara T., Riedy C. & Ruby M.B. (2021) A cross cultural meat paradox: A qualitative study of Australia and India. *Appetite* 164, 105227.
 223. Khelifi N.A. & Ouchene N. (2021) Relationships between age, body measurements, and testicular measurements in Arabia bucks in Algeria. *Tropical animal health and production* 53.
 224. Kim G.-D., Jeong J.-Y., Yang H.-S. & Hur S.J. (2019) Differential abundance of proteome associated with intramuscular variation of meat quality in porcine longissimus thoracis et lumborum muscle. *Meat science* 149, 85-95.
 225. Kim K.M., Jang H.C. & Lim S. (2016) Differences among skeletal muscle mass indices derived from height-, weight-, and body mass index-adjusted models in assessing sarcopenia. *The Korean journal of internal medicine* 31, 643-50.
 226. Kim N.K., Cho S., Lee S.H., Park H.R., Lee C.S., Cho Y.M., Choy Y.H., Yoon D., Im S.K. & Park E.W. (2008) Proteins in longissimus muscle of Korean native cattle and their relationship to meat quality. *Meat science* 80, 1068-73.
 227. Kim Y.H.B., Ma D., Setyabrata D., Farouk M.M., Lonergan S.M., Huff-Lonergan E. & Hunt M.C. (2018) Understanding postmortem biochemical processes and post-harvest aging factors to develop novel smart-aging strategies. *Meat science* 144, 74-90.
 228. Kim Y.H.B., Warner R.D. & Rosenvold K. (2014) Influence of high pre-rigor temperature and fast pH fall on muscle proteins and meat quality: a review. *Animal Production Science* 54, 375-95.
 229. Kingsmore S.F. (2006) Multiplexed protein measurement: technologies and applications of protein and antibody arrays. *Nature reviews Drug discovery* 5, 310-21.
 230. Kitching R.P. (2003) Vaccines for lumpy skin disease, sheep pox and goat pox. *Developments in biologicals* 114, 161-7.
 231. Kiyimba F. (2022) Molecular and biochemical basis of dark-cutting beef.
 232. Kiyimba F., Hartson S.D., Rogers J., VanOverbeke D.L., Mafi G.G. & Ramanathan R. (2021) Changes in glycolytic and mitochondrial protein profiles regulates postmortem muscle acidification and oxygen consumption in dark-cutting beef. *Journal of proteomics* 232, 104016.
 233. Kohn T.A., Hoffman L.C. & Myburgh K.H. (2007) Identification of myosin heavy chain isoforms in skeletal muscle of four Southern African wild ruminants. *Comparative Biochemistry and Physiology Part A: Molecular & Integrative Physiology* 148, 399-407.
 234. Kondjoyan A. & Picard B. (2019) *La viande: de l'élevage à l'assiette*. Presses universitaires Blaise Pascal.
 235. Koohmaraie M. (1994) Muscle proteinases and meat aging. *Meat science* 36, 93-104.
 236. Koohmaraie M. & Geesink G.H. (2006) Contribution of postmortem muscle biochemistry to the delivery of consistent meat quality with particular focus on the calpain system. *Meat science* 74, 34-43.

237. Koretz J.F., Irving T.C. & Wang K. (1993) Filamentous Aggregates of Native Titin and Binding of C-protein and AMP-deaminase. *Archives of biochemistry and biophysics* 304, 305-9.
238. Kosgey I., Baker R., Udo H. & Van Arendonk J.A. (2006) Successes and failures of small ruminant breeding programmes in the tropics: a review. *Small Ruminant Research* 61, 13-28.
239. Kosgey I.S. & Okeyo A.M. (2007) Genetic improvement of small ruminants in low-input, smallholder production systems: Technical and infrastructural issues. *Small Ruminant Research* 70, 76-88.
240. Koşum N., Taşkin T., Engindeniz S. & Kandemir Ç. (2019) Goat Meat Production and Evaluation of Its Sustainability in Turkey.
241. Kruger L.P., Nedambale T.L., Scholtz M.M. & Webb E.C. (2016) The effect of environmental factors and husbandry practices on stress in goats. *Small Ruminant Research* 141, 1-4.
242. Kwasiborski A., Sayd T., Chambon C., Santé-Lhoutellier V., Rocha D. & Terlouw C. (2008) Pig Longissimus lumborum proteome: Part II: Relationships between protein content and meat quality. *Meat science* 80, 982-96.
243. Labeit S. & Kolmerer B. (1995) Titins: giant proteins in charge of muscle ultrastructure and elasticity. *Science* 270, 293-6.
244. Lametsch R. & Bendixen E. (2001) Proteome Analysis Applied to Meat Science: Characterizing Post Mortem Changes in Porcine Muscle. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 49, 4531-7.
245. Lametsch R., Roepstorff P. & Bendixen E. (2002) Identification of Protein Degradation during Post-mortem Storage of Pig Meat. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 50, 5508-12.
246. Lamri M., Djenane D. & Gagaoua M. (2022) Goat meat consumption patterns and preferences in three provinces of Kabylia region in Algeria compared to other meat species: Results of an online survey. *Meat Technology* 63, 96-108.
247. Lana A. & Zolla L. (2015) Apoptosis or autophagy, that is the question: Two ways for muscle sacrifice towards meat. *Trends in Food Science & Technology* 46, 231-41.
248. Lana A. & Zolla L. (2016) Proteolysis in meat tenderization from the point of view of each single protein: A proteomic perspective. *Journal of Proteomics* 147, 85-97.
249. Laouadi M., Mennah-Govela Y.A., Moula N., Moussiaux N.A. & Kafidi N. (2020) Morphological characterization of indigenous goats in the region of Laghouat in Algeria. *Archivos de zootecnia* 69, 272-9.
250. Laouadi M., Tennah S., Kafidi N., Antoine-Moussiaux N. & Moula N. (2018) A basic characterization of small-holders' goat production systems in Laghouat area, Algeria. *Pastoralism* 8, 24.
251. Laville E., Sayd T., Morzel M., Blinet S., Chambon C., Lepetit J., Renand G. & Hocquette J.F. (2009) Proteome changes during meat aging in tough and tender beef suggest the importance of apoptosis and protein solubility for beef aging and tenderization. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 57, 10755-64.
252. Lawrence T. & Fowler V. (2002) Compensatory growth. *Growth of farm animals*, 229-54.
253. Lawrie R.A. (2006) Chapter 4 - Chemical and biochemical constitution of muscle. In: *Lawrie's Meat Science (Seventh Edition)* (ed. by R.A. Lawrie), pp. 75-127. Woodhead Publishing.
254. Lefaucheur L. (2010) A second look into fibre typing – Relation to meat quality. *Meat science* 84, 257-70.

255. Legrand I., Hocquette J.F., Polkinghorne R.J. & Pethick D.W. (2013) Prediction of beef eating quality in France using the Meat Standards Australia system. *animal* 7, 524-9.
256. Legrand I., Pollinghorne R., Denoyelle C., Laspière P.T., Bru P., Plainemaison C., INRAE V.S. & Theix U. (2021) Suspension pelvienne et maturation de la viande de bœuf. *Viandes & Produits Carnés*.
257. Lehman W. & Craig R. (2008) Tropomyosin and the steric mechanism of muscle regulation. *Tropomyosin*, 95-109.
258. Leite A., Rodrigues S., Pereira E., Paulos K., Oliveira A.F., Lorenzo J.M. & Teixeira A. (2015) Physicochemical properties, fatty acid profile and sensory characteristics of sheep and goat meat sausages manufactured with different pork fat levels. *Meat science* 105, 114-20.
259. Listrat A., Lebret B., Louveau I., Astruc T., Bonnet M., Lefaucheur L., Picard B. & Bugeon J. (2016) How Muscle Structure and Composition Influence Meat and Flesh Quality. *ScientificWorldJournal* 2016, 3182746.
260. Liu J., Arner A., Puolanne E. & Ertbjerg P. (2016) On the water-holding of myofibrils: Effect of sarcoplasmic protein denaturation. *Meat science* 119, 32-40.
261. Liu M., Wei Y., Li X., Quek S.Y., Zhao J., Zhong H., Zhang D. & Liu Y. (2018) Quantitative phosphoproteomic analysis of caprine muscle with high and low meat quality. *Meat Sci* 141, 103-11.
262. Liu X., Nelson M. & Styles E. (2013) Validating the demand for goat meat in the US meat market. *Agricultural Sciences* 4, 549.
263. Livingston D. & Brown W. (1981) The chemistry of myoglobin and its reactions. *Food Technology*.
264. Lohman T., Wang Z. & Going S.B. (2005) *Human body composition*. Human Kinetics.
265. Lombard D.B., Tishkoff D.X. & Bao J. (2011) Mitochondrial Sirtuins in the Regulation of Mitochondrial Activity and Metabolic Adaptation. In: *Histone Deacetylases: the Biology and Clinical Implication* (ed. by T.-P. Yao & E. Seto), pp. 163-88. Springer Berlin Heidelberg, Berlin, Heidelberg.
266. Lomiwes D., Farouk M., Wiklund E. & Young O. (2014a) Small heat shock proteins and their role in meat tenderness: A review. *Meat Science* 96, 26-40.
267. Lomiwes D., Farouk M.M., Frost D.A., Dobbie P.M. & Young O.A. (2013) Small heat shock proteins and toughness in intermediate pHu beef. *Meat Sci* 95, 472-9.
268. Lomiwes D., Hurst S.M., Dobbie P., Frost D.A., Hurst R.D., Young O.A. & Farouk M.M. (2014b) The protection of bovine skeletal myofibrils from proteolytic damage post mortem by small heat shock proteins. *Meat science* 97, 548-57.
269. Lonergan E.H., Zhang W. & Lonergan S.M. (2010) Biochemistry of postmortem muscle—Lessons on mechanisms of meat tenderization. *Meat science* 86, 184-95.
270. Longo V., Lana A., Bottero M.T. & Zolla L. (2015) Apoptosis in muscle-to-meat aging process: The omic witness. *J Proteomics* 125, 29-40.
271. López-Bote C. (2017) Chapter 4 - Chemical and Biochemical Constitution of Muscle. In: *Lawrie's Meat Science (Eighth Edition)* (ed. by F. Toldra'), pp. 99-158. Woodhead Publishing.
272. López-Pedrouso M., Lorenzo J.M., Di Stasio L., Brugiapaglia A. & Franco D. (2021) Quantitative proteomic analysis of beef tenderness of Piemontese young bulls by SWATH-MS. *Food Chemistry* 356, 129711.
273. Lopez-Pedrouso M., Lorenzo J.M., Gagaoua M. & Franco D. (2020) Application of Proteomic Technologies to Assess the Quality of Raw Pork and Pork Products: An Overview from Farm-To-Fork. *Biology (Basel)* 9, 393.

274. Luikart G., Gielly L., Excoffier L., Vigne J.-D., Bouvet J. & Taberlet P. (2001) Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 98, 5927-32.
275. Lüllmann-Rauch R. (2008) *Histologie*. De Boeck Supérieur.
276. Lum J.J., Bauer D.E., Kong M., Harris M.H., Li C., Lindsten T. & Thompson C.B. (2005) Growth Factor Regulation of Autophagy and Cell Survival in the Absence of Apoptosis. *Cell* 120, 237-48.
277. Lund M.N., Heinonen M., Baron C.P. & Estévez M. (2011) Protein oxidation in muscle foods: A review. *Molecular Nutrition & Food Research* 55, 83-95.
278. Luther P.K. (2009) The vertebrate muscle Z-disc: sarcomere anchor for structure and signalling. *Journal of Muscle Research and Cell Motility* 30, 171-85.
279. Madruga M.S., Torres T.S., Carvalho F.F., Queiroga R.C., Narain N., Garrutti D., Souza Neto M.A., Mattos C.W. & Costa R.G. (2008) Meat quality of Moxotó and Canindé goats as affected by two levels of feeding. *Meat Sci* 80, 1019-23.
280. Mahgoub O. & Lu C. (1998) Growth, body composition and carcass tissue distribution in goats of large and small sizes. *Small Ruminant Research* 27, 267-78.
281. Maltin C., Balcerzak D., Tilley R. & Delday M. (2003) Determinants of meat quality: tenderness. *Proceedings of the Nutrition Society* 62, 337-47.
282. Maltin C.A., Delday M.I., Sinclair K.D., Steven J. & Sneddon A.A. (2001) Impact of manipulations of myogenesis in utero on the performance of adult skeletal muscle. *REPRODUCTION-CAMBRIDGE-* 122, 359-74.
283. Mancini R. & Hunt M. (2005) Current research in meat color. *Meat science* 71, 100-21.
284. Mao Y., Hopkins D.L., Zhang Y., Li P., Zhu L., Dong P., Liang R., Dai J., Wang X. & Luo X. (2016) Beef quality with different intramuscular fat content and proteomic analysis using isobaric tag for relative and absolute quantitation of differentially expressed proteins. *Meat science* 118, 96-102.
285. Marcos B. & Mullen A.M. (2014) High pressure induced changes in beef muscle proteome: Correlation with quality parameters. *Meat science* 97, 11-20.
286. Marín-Garzón N., Magalhães A., Mota L., Fonseca L., Chardulo L. & Albuquerque L. (2021) Genome-wide association study identified genomic regions and putative candidate genes affecting meat color traits in Nellore cattle. *Meat science* 171, 108288.
287. Marino R., della Malva A. & Albenzio M. (2015) Proteolytic changes of myofibrillar proteins in Podolian meat during aging: focusing on tenderness1. *Journal of animal science* 93, 1376-87.
288. Mataveia G.A., Garrine C.M., Pondja A., Hassen A. & Visser C. (2019) Smallholder goat production in the Namaacha and Moamba districts of southern Mozambique.
289. Matsukura U., Okitani A., Nishimuro T. & Kato H. (1981) Mode of degradation of myofibrillar proteins by an endogenous protease, cathepsin L. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Enzymology* 662, 41-7.
290. Mazhangara I.R., Chivandi E., Mupangwa J.F. & Muchenje V. (2019) The Potential of Goat Meat in the Red Meat Industry. *Sustainability* 11, 3671.
291. McCormick R.J. (1999) Extracellular modifications to muscle collagen: implications for meat quality. *Poultry Science* 78, 785-91.
292. McMillin K. & Brock A. (2005) Production practices and processing for value-added goat meat. *Journal of Animal Science* 83, E57-E68.
293. Megías M., Molist P. & Pombal M. (2017) *Atlas de histología animal y vegetal*. Vigo, España: Universidad de Vigo.
294. Micol D., Jurie C. & Hocquette J.-F. (2010) *Qualités sensorielles de la viande bovine. Impacts des facteurs d'élevage?* Editions Quae.

295. Miller B.A. & Lu C.D. (2019) Current status of global dairy goat production: an overview. *Asian-Australas J Anim Sci* 32, 1219-32.
296. Miller M.F., Carr M., Ramsey C., Crockett K. & Hoover L. (2001) Consumer thresholds for establishing the value of beef tenderness. *Journal of Animal Science* 79, 3062-8.
297. Minjarez B., Calderón-González K.G., Valero Rustarazo M.L., Herrera-Aguirre M.E., Labra-Barrios M.L., Rincon-Limas D.E., Sánchez del Pino M.M., Mena R. & Luna-Arias J.P. (2016) Data set of interactomes and metabolic pathways of proteins differentially expressed in brains with Alzheimer's disease. *Data in Brief* 7, 1707-19.
298. Miranda-de la Lama G.C. & Mattiello S. (2010) The importance of social behaviour for goat welfare in livestock farming. *Small Ruminant Research* 90, 1-10.
299. Mohan K., Maheswarappa N.B. & Banerjee R. (2022) Exploring the dynamics of women consumer preference, attitude and behaviour towards meat and meat products consumption in India. *Meat Sci* 193, 108926.
300. Moore J.A., Poore M.H. & Luginbuhl J.-M. (2002) By-product feeds for meat goats: Effects on digestibility, ruminal environment, and carcass characteristics. *Journal of Animal Science* 80, 1752-8.
301. Morand-Fehr P., Boutonnet J.P., Devendra C., Dubeuf J.P., Haenlein G.F.W., Holst P., Mowlem L. & Capote J. (2004) Strategy for goat farming in the 21st century. *Small Ruminant Research* 51, 175-83.
302. Morzel M., Chambon C., Hamelin M., Santé-Lhoutellier V., Sayd T. & Monin G. (2004) Proteome changes during pork meat ageing following use of two different pre-slaughter handling procedures. *Meat science* 67, 689-96.
303. Morzel M., Terlouw C., Chambon C., Micol D. & Picard B. (2008) Muscle proteome and meat eating qualities of Longissimus thoracis of "Blonde d'Aquitaine" young bulls: A central role of HSP27 isoforms. *Meat science* 78, 297-304.
304. Mouhous A., Kadi S., Berchiche M., Djellal F., Huguenin J. & Alary V. (2016) Performances de production et commercialisation de lait dans les exploitations caprines en zone montagneuse de Tizi-Ouzou (Algérie). Ben Salem H.(ed.), Boutonnet JP (ed.), López-Francos A.(ed.), Gabiña D.(ed.). *The value chains of Mediterranean sheep and goat products. Organisation of the industry, marketing strategies, feeding and production systems. Zaragoza: CIHEAM (Options Méditerranéennes: Série A.(115): 469-473.*
305. Mouhous A., Kadi S.A., Guermah H. & Djellal F. (2021) The goat meat sector in an Algerian mountain region: analysis of its value chain. In: *Efficiency and resilience of forage resources and small ruminant production to cope with global challenges in Mediterranean areas* (ed. by A. Araba, H. Ben Salem, M. Chentouf, M. Jouven, A. Keli, A. López-Francos & C. Porqueddu), pp. 115-8. Zaragoza : CIHEAM.
306. Moula N., Ait Kaki A., Touazi L., Farnir F., Leroy P. & Antoine-Moussiaux N. (2017) Goat breeding in the rural district of Chemini (Algeria). *Nature and Technology*.
307. Moula N., Philippe F.-X., Ait Kaki A., Leroy P. & Antoine-Moussiaux N. (2014) Les ressources génétiques caprines en Algérie.
308. Muir P., Deaker J. & Bown M. (1998) Effects of forage-and grain-based feeding systems on beef quality: A review. *New Zealand journal of agricultural research* 41, 623-35.
309. Mukund K. & Subramaniam S. (2020) Skeletal muscle: A review of molecular structure and function, in health and disease. *WIREs Systems Biology and Medicine* 12, e1462.
310. Mullen A., Stapleton P., Corcoran D., Hamill R. & White A. (2006) Understanding meat quality through the application of genomic and proteomic approaches. *Meat science* 74, 3-16.

311. Munekata P.E.S., Pateiro M., López-Pedrouso M., Gagaoua M. & Lorenzo J.M. (2021) Foodomics in meat quality. *Current Opinion in Food Science* 38, 79-85.
312. Muroya S., Ohnishi-Kameyama M., Oe M., Nakajima I. & Chikuni K. (2007) Postmortem changes in bovine troponin T isoforms on two-dimensional electrophoretic gel analyzed using mass spectrometry and western blotting: The limited fragmentation into basic polypeptides. *Meat science* 75, 506-14.
313. Mushi D., Safari J., Mtenga L., Kifaro G. & Eik L. (2009) Effects of concentrate levels on fattening performance, carcass and meat quality attributes of Small East African× Norwegian crossbred goats fed low quality grass hay. *Livestock Science* 124, 148-55.
314. Naderi S., Rezaei H.-R., Pompanon F., Blum M.G.B., Negrini R., Naghash H.-R., Balkız Ö., Mashkour M., Gaggiotti O.E., Ajmone-Marsan P., Kence A., Vigne J.-D. & Taberlet P. (2008) The goat domestication process inferred from large-scale mitochondrial DNA analysis of wild and domestic individuals. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 105, 17659-64.
315. Nafti M. (2021) Characteristics and Typology of Goat Herding Systems in Arid Oases of Tunisia and Their Adaptive Potentialities of Reproduction. *Cross Current Int J Agri Vet Sci* 3, 76-86.
316. Nilsson T., Mann M., Aebersold R., Yates J.R., 3rd, Bairoch A. & Bergeron J.J. (2010) Mass spectrometry in high-throughput proteomics: ready for the big time. *Nat Methods* 7, 681-5.
317. Nonneman D., Shackelford S., King D., Wheeler T., Wiedmann R., Snelling W. & Rohrer G. (2013) Genome-wide association of meat quality traits and tenderness in swine. *Journal of animal science* 91, 4043-50.
318. O'Halloran G.R., Troy D.J., Buckley D.J. & Reville W.J. (1997) The role of endogenous proteases in the tenderisation of fast glycolysing muscle. *Meat Sci* 47, 187-210.
319. Obinata T., Maruyama K., Sugita H., Kohama K. & Ebashi S. (1981) Dynamic aspects of structural proteins in vertebrate skeletal muscle. *Muscle & Nerve: Official Journal of the American Association of Electrodiagnostic Medicine* 4, 456-88.
320. Offer G. & Cousins T. (1992) The mechanism of drip production: Formation of two compartments of extracellular space in muscle Post mortem. *Journal of the Science of Food and Agriculture* 58, 107-16.
321. Okumura N., Hashida-Okumura A., Kita K., Matsubae M., Matsubara T., Takao T. & Nagai K. (2005) Proteomic analysis of slow- and fast-twitch skeletal muscles. *PROTEOMICS* 5, 2896-906.
322. Oliván M., Martínez A., Osoro K., Sañudo C., Panea B., Olleta J.L., Campo M.M., Oliver M.À., Serra X. & Gil M. (2004) Effect of muscular hypertrophy on physico-chemical, biochemical and texture traits of meat from yearling bulls. *Meat science* 68, 567-75.
323. Ouali A. (1991) Sensory quality of meat as affected by muscle biochemistry and modern technologies. In: *Animal Biotechnology and the Quality of Meat Production* (ed. by L.O. Fiems, B.G. Cottyn & D.I. Demeyer), pp. 85-105. Elsevier.
324. Ouali A., Gagaoua M., Boudida Y., Becila S., Boudjellal A., Herrera-Mendez C.H. & Sentandreu M.A. (2013) Biomarkers of meat tenderness: Present knowledge and perspectives in regards to our current understanding of the mechanisms involved. *Meat science* 95, 854-70.
325. Ouali A., Garrel N., Obled A., Deval C., Valin C. & Penny I. (1987) Comparative action of cathepsins D, B, H, L and of a new lysosomal cysteine proteinase on rabbit myofibrils. *Meat science* 19, 83-100.

326. Ouali A., Herrera-Mendez C.H., Coulis G., Becila S., Boudjellal A., Aubry L. & Sentandreu M.A. (2006) Revisiting the conversion of muscle into meat and the underlying mechanisms. *Meat Science* 74, 44-58.
327. Ouchene-Khelifi N.-A., Ouchene N., Maftah A., Da Silva A.B. & Lafri M. (2015) Assessing admixture by multivariate analyses of phenotypic differentiation in the Algerian goat livestock. *Tropical animal health and production* 47, 1343-50.
328. Ouchene-Khelifi N.A., Ouchene N. & Lafri M. (2021) Characterization and typology of goat production systems in Algeria based on producers survey. *Bulletin of the National Research Centre* 45, 22.
329. Oury M.-P., Agabriel J., Agabriel C., Micol D., Picard B., Blanquet J., Labouré H., Roux M. & Dumont R. (2007) Relationship between rearing practices and eating quality traits of the muscle rectus abdominis of Charolais heifers. *Livestock Science* 111, 242-54.
330. Pan Q., Shai O., Lee L.J., Frey B.J. & Blencowe B.J. (2008) Deep surveying of alternative splicing complexity in the human transcriptome by high-throughput sequencing. *Nature Genetics* 40, 1413-5.
331. Pancholi V. (2001) Multifunctional α -enolase: its role in diseases. *Cellular and Molecular Life Sciences CMLS* 58, 902-20.
332. Paredi G., Raboni S., Bendixen E., de Almeida A.M. & Mozzarelli A. (2012) "Muscle to meat" molecular events and technological transformations: The proteomics insight. *Journal of proteomics* 75, 4275-89.
333. Peacock C. (2005) Goats—A pathway out of poverty. *Small Ruminant Research* 60, 179-86.
334. Pearce K.L., Rosenvold K., Andersen H.J. & Hopkins D.L. (2011) Water distribution and mobility in meat during the conversion of muscle to meat and ageing and the impacts on fresh meat quality attributes — A review. *Meat science* 89, 111-24.
335. Pearson A. & Young R. (1989) Proteins of the thick filament. *Muscle and meat biochemistry* 108, 66-97.
336. Pearson A.M. (2012) *Muscle and meat biochemistry*. Elsevier.
337. Pethick D., Fergusson D., Gardner G., Hocquette J., Thompson J. & Warner R. (2005) Muscle metabolism in relation to genotypic and environmental influences on consumer defined quality of red meat. Indicators of milk and beef quality. Hocquette JF & Gigli S.(eds). EAAP Publication 112, 95-110.
338. Pette D. & Staron R.S. (2000) Myosin isoforms, muscle fiber types, and transitions. *Microscopy research and technique* 50, 500-9.
339. Picard B., B., Jurie C., C., Cassar-Malek I., Hocquette J.-F., J.-F., Lefaucheur L., L., Berri C., Alami-Durante H. & Rescan P.-Y. (2003) Myofibre typing and ontogenesis in farm animal species Typologie et ontogénèse des fibres musculaires chez différentes espèces d'intérêt agronomique. *Productions animales* 16, 117-23.
340. Picard B., Barboiron C., Chadeyron D. & Jurie C. (2011) Protocol for high-resolution electrophoresis separation of myosin heavy chain isoforms in bovine skeletal muscle. *Electrophoresis* 32, 1804-6.
341. Picard B. & Gagaoua M. (2017) Chapter 11 - Proteomic Investigations of Beef Tenderness. In: *Proteomics in Food Science: from farm to fork* (ed. by M.L. Colgrave), pp. 177-97. Academic Press, London.
342. Picard B. & Gagaoua M. (2020a) Meta-proteomics for the discovery of protein biomarkers of beef tenderness: An overview of integrated studies. *Food Research International* 127, 108739.

343. Picard B. & Gagaoua M. (2020b) Muscle Fiber Properties in Cattle and Their Relationships with Meat Qualities: An Overview. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 68, 6021-39.
344. Picard B., Gagaoua M., Al-Jammas M., De Koning L., Valais A. & Bonnet M. (2018) Beef tenderness and intramuscular fat proteomic biomarkers: muscle type effect. *PeerJ* 6, e4891.
345. Picard B., Gagaoua M., Micol D., Cassar-Malek I., Hocquette J.-F. & Terlouw C.E.M. (2014) Inverse Relationships between Biomarkers and Beef Tenderness According to Contractile and Metabolic Properties of the Muscle. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 62, 9808-18.
346. Picard B., Kammoun M., Gagaoua M., Barboiron C., Meunier B., Chambon C. & Cassar-Malek I. (2016) Calcium Homeostasis and Muscle Energy Metabolism Are Modified in HspB1-Null Mice. *Proteomes* 4, 17.
347. Picard B., Lebret B., Cassar-Malek I., Liaubet L., Berri C., Le Bihan-Duval E., Hocquette J.-F. & Renand G. (2015) Recent advances in omic technologies for meat quality management. *Meat science* 109, 18-26.
348. Polati R., Menini M., Robotti E., Million R., Marengo E., Novelli E., Balzan S. & Cecconi D. (2012) Proteomic changes involved in tenderization of bovine Longissimus dorsi muscle during prolonged ageing. *Food Chemistry* 135, 2052-69.
349. Pophiwa P., Webb E.C. & Frylinck L. (2020) A review of factors affecting goat meat quality and mitigating strategies. *Small Ruminant Research* 183, 106035.
350. Pratiwi N.W., Murray P.J. & Taylor D.G. (2004) Meat quality of entire and castrated male Boer goats raised under Australian conditions and slaughtered at different weights: physical characteristics, shear force values and eating quality profiles. *Animal Science* 79, 213-9.
351. Pulford D.J., Fraga Vazquez S., Frost D.F., Fraser-Smith E., Dobbie P. & Rosenvold K. (2008) The intracellular distribution of small heat shock proteins in post-mortem beef is determined by ultimate pH. *Meat science* 79, 623-30.
352. Pulina G., Milán M.J., Lavín M.P., Theodoridis A., Morin E., Capote J., Thomas D.L., Francesconi A.H.D. & Caja G. (2018) Invited review: Current production trends, farm structures, and economics of the dairy sheep and goat sectors. *Journal of Dairy Science* 101, 6715-29.
353. Purslow P.P. (2005) Intramuscular connective tissue and its role in meat quality. *Meat science* 70, 435-47.
354. Purslow P.P., Gagaoua M. & Warner R.D. (2021) Insights on meat quality from combining traditional studies and proteomics. *Meat Sci* 174, 108423.
355. Rahadi S., Kusumawati E., Isnaini N., Hakim L., Ciptadi G., Susilawati T. & Nurgiartiningsih V. (2020) Characterization and typology of goat production systems in West Muna Regency, Southeast Sulawesi, Indonesia. In: *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, p. 012057. IOP Publishing.
356. Ramanathan R., Nair M.N., Wang Y., Li S., Beach C.M., Mancini R.A., Belskie K. & Suman S.P. (2021) Differential abundance of mitochondrial proteome influences the color stability of beef longissimus lumborum and psoas major muscles. *Meat and Muscle Biology* 5.
357. Raynaud P., Pélissier P., Brémaud L., Amarger V., Julien R., Ouali A. & Levéziel H. (2003) Etude du gène de la calpastatine chez les bovins. *Rencontres autour des recherches sur les ruminants*, 37-40.
358. Reece W.O. & Rowe E.W. (2017) *Functional anatomy and physiology of domestic animals*. John Wiley & Sons.

359. Rehfeldt C., Fiedler I. & Stickland N.C. (2004) Number and size of muscle fibres in relation to meat production. *Muscle development of livestock animals: physiology, genetics, and meat quality*, 1-37.
360. Reiche A.M., Oberson J.L., Silacci P., Messadène-Chelali J., Hess H.D., Dohme-Meier F., Dufey P.A. & Terlouw E.M.C. (2019) Pre-slaughter stress and horn status influence physiology and meat quality of young bulls. *Meat science* 158, 107892.
361. Renand G., Picard B., Touraille C., Berge P. & Lepetit J. (2001) Relationships between muscle characteristics and meat quality traits of young Charolais bulls. *Meat science* 59, 49-60.
362. Renerre M. (2000) Oxidative processes and myoglobin. *Antioxidants in muscle foods 2000*, 113-33.
363. Repnik U., Stoka V., Turk V. & Turk B. (2012) Lysosomes and lysosomal cathepsins in cell death. *Biochim Biophys Acta* 1824, 22-33.
364. Resurreccion A.V.A. (2004) Sensory aspects of consumer choices for meat and meat products. *Meat science* 66, 11-20.
365. Rifai N., Gillette M.A. & Carr S.A. (2006) Protein biomarker discovery and validation: the long and uncertain path to clinical utility. *Nature biotechnology* 24, 971-83.
366. Ripoll G., Alcalde M.J., Argüello A., Córdoba M.G. & Panea B. (2021) Influence of the Use of Milk Replacers on Carcass Characteristics of Suckling Kids from Eight Spanish Goat Breeds. *Animals* 11, 3300.
367. Rivero M.A., Hernández-Castellano L.E., González Cabrera M., Camacho A., Ripoll G., Panea B., Alcalde M.J., Córdoba M.d.G., Argüello A. & Castro N. (2022) Study of the influence of genotype and rearing method on muscle fibre characteristics in suckling goat kids. *Journal of Applied Animal Research* 50, 146-51.
368. Rodrigues S. & Teixeira A. (2009) Effect of sex and carcass weight on sensory quality of goat meat of Cabrito Transmontano. *J Anim Sci* 87, 711-5.
369. Rosa García R., Celaya R., García U. & Osoro K. (2012) Goat grazing, its interactions with other herbivores and biodiversity conservation issues. *Small Ruminant Research* 107, 49-64.
370. Rossi D., Pierantozzi E., Amadsun D.O., Buonocore S., Rubino E.M. & Sorrentino V. (2022) The Sarcoplasmic Reticulum of Skeletal Muscle Cells: A Labyrinth of Membrane Contact Sites. *Biomolecules* 12, 488.
371. Roy B.C., Sedgewick G., Aalhus J.L., Basarab J.A. & Bruce H.L. (2015) Modification of mature non-reducible collagen cross-link concentrations in bovine m. gluteus medius and semitendinosus with steer age at slaughter, breed cross and growth promotants. *Meat science* 110, 109-17.
372. Saccà E., Corazzin M., Bovolenta S. & Piasentier E. (2019) Meat quality traits and the expression of tenderness-related genes in the loins of young goats at different ages. *animal* 13, 2419-28.
373. Saidani K., Ziam H., Hamiroune M., Righi S. & Benakhla A. (2019a) Elevage des petits ruminants en Kabylie, Algérie, et perspectives de développement. *Revue d'élevage et de médecine vétérinaire des pays tropicaux* 72, 49-54.
374. Saidani M., Yannou B., Leroy Y., Cluzel F. & Kendall A. (2019b) A taxonomy of circular economy indicators. *Journal of Cleaner Production* 207, 542-59.
375. Saláková A. (2012) Instrumental measurement of texture and color of meat and meat products. *Maso Int* 2, 107-14.
376. Salama A.A.K., Caja G., Hamzaoui S., Badaoui B., Castro-Costa A., Façanha D.A.E., Guilhermino M.M. & Bozzi R. (2014) Different levels of response to heat stress in dairy goats. *Small Ruminant Research* 121, 73-9.

377. Salueña B.H., Gamasa C.S., Rubial J.M.D. & Odriozola C.A. (2019) CIELAB color paths during meat shelf life. *Meat Science* 157, 107889.
378. Santiago B., Baldassini W., Neto O.M., Chardulo L.A., Torres R., Pereira G., Curi R., Chiaratti M.R., Padilha P., Alessandrini L. & Gagaoua M. (2023) Post-mortem muscle proteome of crossbred bulls and steers: Relationships with carcass and meat quality. *Journal of proteomics* 278, 104871.
379. Santos V., Silva S. & Azevedo J.M.T.d. (2008) Carcass composition and meat quality of equally mature kids and lambs. *Journal of animal science* 86, 1943-50.
380. Sayas-Barbera E., Fernandez-Lopez J. & Sendra-Nadal E. (2010) Biochemical changes during onset and resolution of rigor mortis under ambient temperature. *Handbook of Poultry Science and Technology Primary Processing*, Edited by Isabel Guerrero-Legarreta and YH Hui 1, 219-41.
381. Sayd T., Morzel M., Chambon C., Franck M., Figwer P., Larzul C., Le Roy P., Monin G., Chérel P. & Laville E. (2006) Proteome analysis of the sarcoplasmic fraction of pig semimembranosus muscle: implications on meat color development. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 54, 2732-7.
382. Schiaffino S. & Reggiani C. (1996) Molecular diversity of myofibrillar proteins: gene regulation and functional significance. *Physiological Reviews* 76, 371-423.
383. Schiaffino S. & Reggiani C. (2011) Fiber types in mammalian skeletal muscles. *Physiological reviews* 91, 1447-531.
384. Schönfeldt H.C., Naudé R.T., Bok W., van Heerden S.M., Smit R. & Boshoff E. (1993) Flavour- and tenderness-related quality characteristics of goat and sheep meat. *Meat science* 34, 363-79.
385. Scollan N.D., Choi N.-J., Kurt E., Fisher A.V., Enser M. & Wood J.D. (2001) Manipulating the fatty acid composition of muscle and adipose tissue in beef cattle. *British Journal of Nutrition* 85, 115-24.
386. Seideman S., Cross H., Smith G. & Durland P. (1984) Factors associated with fresh meat color: a review. *Journal of Food Quality* 6, 211-37.
387. Selvaggi M., Laudadio V., Dario C. & Tufarelli V. (2014) Major proteins in goat milk: an updated overview on genetic variability. *Molecular Biology Reports* 41, 1035-48.
388. Sentandreu M.A., Coulis G. & Ouali A. (2002) Role of muscle endopeptidases and their inhibitors in meat tenderness. *Trends in Food Science & Technology* 13, 400-21.
389. Sentandreu M.A., Fraser P.D., Halket J., Patel R. & Bramley P.M. (2010) A proteomic-based approach for detection of chicken in meat mixes. *Journal of proteome research* 9, 3374-83.
390. Serrano M., Calvo J.H., Martínez M., Marcos-Carcavilla A., Cuevas J., González C., Jurado J.J. & de Tejada P.D. (2009) Microsatellite based genetic diversity and population structure of the endangered Spanish Guadarrama goat breed. *BMC genetics* 10, 61.
391. Sha L. & Xiong Y.L. (2020) Plant protein-based alternatives of reconstructed meat: Science, technology, and challenges. *Trends in Food Science & Technology* 102, 51-61.
392. Shahidi F. (1994) Flavor of meat and meat products—an overview. In: *Flavor of meat and meat products* (ed. by F. Shahidi), pp. 1-3. Springer US, Boston, MA.
393. Shahidi F. (1998) Indicators for evaluation of lipid oxidation and off-flavor development in food. In: *Developments in Food Science* (ed. by E.T. Contis, C.T. Ho, C.J. Mussinan, T.H. Parliment, F. Shahidi & A.M. Spanier), pp. 55-68. Elsevier.
394. Sierra V., González-Blanco L., Diñeiro Y., Díaz F., García-Espina M.J., Coto-Montes A., Gagaoua M. & Oliván M. (2021) New Insights on the Impact of Cattle Handling on Post-Mortem Myofibrillar Muscle Proteome and Meat Tenderization. *Foods* 10, 3115.

395. Sierra V. & Oliván M. (2013) Role of mitochondria on muscle cell death and meat tenderization. *Recent Pat Endocr Metab Immune Drug Discov* 7, 120-9.
396. Simela L., Webb E. & Frylinck L. (2004) Effect of sex, age, and pre-slaughter conditioning on pH, temperature, tenderness and colour of indigenous South African goats. *South African Journal of Animal Science* 34.
397. Simela L., Webb E.C. & Bosman M. (2008) Acceptability of chevon from kids, yearling goats and mature does of indigenous South African goats: A case study. *South African Journal of Animal Science* 38, 247-59.
398. Simela L., Webb E.C. & Bosman M. (2011) Live animal and carcass characteristics of South African indigenous goats. *South African Journal of Animal Science* 41, 1-15.
399. Smith G., Carpenter Z. & Shelton M. (1978) Effect of age and quality level on the palatability of goat meat. *Journal of animal science* 46, 1229-35.
400. Smith G.C., Pike M.I. & Carpenter Z.L. (1974) Comparison of the palatability of goat meat and meat from four other animal species. *Journal of Food Science* 39, 1145-6.
401. Spangenburg E.E. & Booth F.W. (2003) Molecular regulation of individual skeletal muscle fibre types. *Acta Physiologica Scandinavica* 178, 413-24.
402. Stienen G.J., Kiers J.L., Bottinelli R. & Reggiani C. (1996) Myofibrillar ATPase activity in skinned human skeletal muscle fibres: fibre type and temperature dependence. *The Journal of Physiology* 493, 299-307.
403. Strasburg G., Xiong Y.L. & Chiang W. (2007) Physiology and chemistry of edible muscle tissues. In: *Fennema's Food Chemistry* (pp. 935-86. CRC Press.
404. Strasburg G., Xiong Y.L. & Chiang W. (2008) Physiology and chemistry of edible muscle tissues. *Fennema's Food Chemistry*, 923-73.
405. Strasburg G.M. & Xiong Y.L. (2017) Physiology and chemistry of edible muscle tissues. In: *Fennema's Food Chemistry* (pp. 955-1015. CRC Press.
406. Stricher F., Macri C., Ruff M. & Muller S. (2013) HSPA8/HSC70 chaperone protein. *Autophagy* 9, 1937-54.
407. Strydom P. (2011) Quality related principles of the South African beef classification system in relation to grading and classification systems of the world. *South African Journal of Animal Science* 41, 177-93.
408. Sullivan G.A. & Calkins C.R. (2010) Application of exogenous enzymes to beef muscle of high and low-connective tissue. *Meat science* 85, 730-4.
409. Suman S.P., Faustman C., Stamer S.L. & Liebler D.C. (2006) Redox Instability Induced by 4-Hydroxy-2-nonenal in Porcine and Bovine Myoglobins at pH 5.6 and 4 °C. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 54, 3402-8.
410. Suman S.P. & Joseph P. (2013) Myoglobin Chemistry and Meat Color. *Annual Review of Food Science and Technology* 4, 79-99.
411. Suman S.P., Rentfrow G., Nair M.N. & Joseph P. (2014) 2013 EARLY CAREER ACHIEVEMENT AWARD— Proteomics of muscle- and species-specificity in meat color stability. *Journal of animal science* 92, 875-82.
412. Tarczyński K., Siczowska H., Zybert A., Krzęcio-Nieczyporuk E. & Antosik K. (2018) pH measured 24 hours post mortem should not be regarded as ultimate pH in pork meat quality evaluation. *South African Journal of Animal Science* 48.
413. Taylor R.C., Cullen S.P. & Martin S.J. (2008) Apoptosis: controlled demolition at the cellular level. *Nature reviews Molecular cell biology* 9, 231-41.
414. Taylor R.G. (2004) CONNECTIVE TISSUE STRUCTURE, FUNCTION AND INFLUENCE ON MEAT QUALITY. In: *Encyclopedia of Meat Sciences* (ed. by W.K. Jensen), pp. 306-14. Elsevier, Oxford.

415. Tchouamo I., Tchoumboue J. & Thibault L. (2005) Caractéristiques socio-économiques et techniques de l'élevage de petits ruminants dans la province de l'ouest du Cameroun. *Tropicicultura* 23, 201-11.
416. Te Pas M., Hoekman A. & Smits M. (2011) Biomarkers as management tools for industries in the pork production chain. *Journal on Chain and Network Science* 11, 155-66.
417. Te Pas M.F., Lebret B. & Oksbjerg N. (2017) Invited review: Measurable biomarkers linked to meat quality from different pig production systems. *Archives Animal Breeding* 60, 271-83.
418. Tefiel H., Ata N., Chahbar M., Benyarou M., Fantazi K., Yilmaz O., Cemal I., Karaca O., Boudouma D. & Gaouar S.B.S. (2018) Genetic characterization of four Algerian goat breeds assessed by microsatellite markers. *Small Ruminant Research* 160, 65-71.
419. Teixeira A., Silva S., Guedes C. & Rodrigues S. (2020) Sheep and Goat Meat Processed Products Quality: A Review. *Foods* 9.
420. Terlouw E.M.C., Arnould C., Auperin B., Berri C., Le Bihan-Duval E., Deiss V., Lefèvre F., Lensink B.J. & Mounier L. (2008) Pre-slaughter conditions, animal stress and welfare: current status and possible future research. *animal* 2, 1501-17.
421. Terlouw E.M.C., Cassar-Malek I., Picard B., Bourguet C., Deiss V., Arnould C., Berri C., Le Bihan-Duval E., Lefèvre F. & Lebret B. (2015) Stress en élevage et à l'abattage : impacts sur les qualités des viandes. *INRAE Productions Animales* 28, 169-82.
422. Terlouw E.M.C., Picard B., Deiss V., Berri C., Hocquette J.-F., Lebret B., Lefèvre F., Hamill R. & Gagaoua M. (2021) Understanding the Determination of Meat Quality Using Biochemical Characteristics of the Muscle: Stress at Slaughter and Other Missing Keys. *Foods* 10, 84.
423. Tomasevic I., Solowiej B.G., Djordjevic V., Vujadinovic D. & Djekic I. (2021) Attitudes and beliefs of Eastern European meat consumers—a review. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science* 854, 012098.
424. Tornberg E. (2005) Effects of heat on meat proteins—Implications on structure and quality of meat products. *Meat science* 70, 493-508.
425. Tortora G. & Derrickson B. (2013) *Principles of Anatomy and Physiology*:: Wiley Global Education.
426. Touraille C. (1994) Incidence des caractéristiques musculaires sur les qualités organoleptiques des viandes. *Renc. Rech. Rum* 1, 169-76.
427. Trout G.R. (1988) Techniques for measuring water-binding capacity in muscle foods—A review of methodology. *Meat science* 23, 235-52.
428. Tskhovrebova L. & Trinick J. (2003) Titin: properties and family relationships. *Nature reviews Molecular cell biology* 4, 679-89.
429. Ubaida-Mohien C., Lyashkov A., Gonzalez-Freire M., Tharakan R., Shardell M., Moaddel R., Semba R.D., Chia C.W., Gorospe M., Sen R. & Ferrucci L. (2019) Discovery proteomics in aging human skeletal muscle finds change in spliceosome, immunity, proteostasis and mitochondria. *eLife* 8, e49874.
430. Usai M.G., Casu S., Molle G., Decandia M., Ligios S. & Carta A. (2006) Using cluster analysis to characterize the goat farming system in Sardinia. *Livestock Science* 104, 63-76.
431. Van Ba H., Hwang I., Jeong D. & Touseef A. (2012) Principle of meat aroma flavors and future prospect. *Latest research into quality control* 2, 145-76.
432. Van Boekel M. (2006) Formation of flavour compounds in the Maillard reaction. *Biotechnology advances* 24, 230-3.
433. van de Wiel D.F.M. & Zhang W.L. (2007) Identification of pork quality parameters by proteomics. *Meat science* 77, 46-54.

434. van der Ven P.F., Obermann W.M., Lemke B., Gautel M., Weber K. & Fürst D.O. (2000) Characterization of muscle filamin isoforms suggests a possible role of γ -filamin/ABP-L in sarcomeric Z-disc formation. *Cell motility and the cytoskeleton* 45, 149-62.
435. Veiseth E. & Koochmaraie M. (2005) Beef tenderness: significance of the calpain proteolytic system. *Indicators of milk and beef quality*. Wageningen Academic Publishers, The Netherlands, 111-26.
436. Veiseth E., Shackelford S., Wheeler T. & Koochmaraie M. (2001) Effect of postmortem storage on μ -calpain and m-calpain in ovine skeletal muscle. *Journal of animal science* 79, 1502-8.
437. Vestergaard M., Oksbjerg N. & Henckel P. (2000) Influence of feeding intensity, grazing and finishing feeding on muscle fibre characteristics and meat colour of semitendinosus, longissimus dorsi and supraspinatus muscles of young bulls. *Meat science* 54, 177-85.
438. Vincent D. & Solomon P.S. (2011) Development of an in-house protocol for the OFFGEL fractionation of plant proteins. *Journal of Integrated OMICS* 1, 216-25.
439. Virgili R., Degni M., Schivazappa C., Faeti V., Poletti E., Marchetto G., Pacchioli M.T. & Mordenti A. (2003) Effect of age at slaughter on carcass traits and meat quality of Italian heavy pigs1. *Journal of Animal Science* 81, 2448-56.
440. Wang H., Yang Z., Yang H., Xue J., Li Y., Wang S., Ge L., Shen Q. & Zhang M. (2022a) Comparative study on the rheological properties of myofibrillar proteins from different kinds of meat. *LWT* 153, 112458.
441. Wang Y., Wang D., Yin K., Liu Y., Lu H., Zhao H. & Xing M. (2022b) Lycopene attenuates oxidative stress, inflammation, and apoptosis by modulating Nrf2/NF- κ B balance in sulfamethoxazole-induced neurotoxicity in grass carp (*Ctenopharyngodon Idella*). *Fish & Shellfish Immunology* 121, 322-31.
442. Wang Z., He F., Rao W., Ni N., Shen Q. & Zhang D. (2016) Proteomic analysis of goat Longissimus dorsi muscles with different drip loss values related to meat quality traits. *Food Science and Biotechnology* 25, 425-31.
443. Warmington B. & Kirton A. (1990) Genetic and non-genetic influences on growth and carcass traits of goats. *Small ruminant research* 3, 147-65.
444. Warner R. (2016) Meat: Conversion of Muscle into Meat. In: *Encyclopedia of Food and Health* (ed. by B. Caballero, P.M. Finglas & F. Toldrá), pp. 677-84. Academic Press, Oxford.
445. Warner R.D. (2023) Chapter 14 - The eating quality of meat: IV—Water holding capacity and juiciness. In: *Lawrie's Meat Science (Ninth Edition)* (ed. by F. Toldrá), pp. 457-508. Woodhead Publishing.
446. Warriss P. (2000) The effects of live animal handling on carcass and meat quality. *Meat science: an introductory text*, 131-55.
447. Warriss P.D. (1990) The handling of cattle pre-slaughter and its effects on carcass and meat quality. *Applied Animal Behaviour Science* 28, 171-86.
448. Weaver A., Bowker B. & Gerrard D. (2009) Sarcomere length influences μ -calpain-mediated proteolysis of bovine myofibrils. *Journal of animal science* 87, 2096-103.
449. Webb E.C. (2014) Goat meat production, composition, and quality. *Animal Frontiers* 4, 33-7.
450. Webb E.C., Casey N.H. & Simela L. (2005) Goat meat quality. *Small Ruminant Research* 60, 153-66.
451. Webb E.C. & O'Neill H. (2008) The animal fat paradox and meat quality. *Meat science* 80, 28-36.

452. Wei Y., Li X., Zhang D. & Liu Y. (2019) Comparison of protein differences between high- and low-quality goat and bovine parts based on iTRAQ technology. *Food Chemistry* 289, 240-9.
453. Wheeler T. & Koohmaraie M. (1994) Prerigor and postrigor changes in tenderness of ovine longissimus muscle. *Journal of animal science* 72, 1232-8.
454. Wilkins M.R., Pasquali C., Appel R.D., Ou K., Golaz O., Sanchez J.-C., Yan J.X., Gooley A., Hughes G. & Humphery-Smith I. (1996) From proteins to proteomes: large scale protein identification by two-dimensional electrophoresis and amino acid analysis. *Bio/technology* 14, 61-5.
455. Wood J.D. (2017) Chapter 20 - Meat Composition and Nutritional Value. In: *Lawrie's Meat Science (Eighth Edition)* (ed. by F. Toldra'), pp. 635-59. Woodhead Publishing.
456. Wu G., Farouk M.M., Clerens S. & Rosenvold K. (2014) Effect of beef ultimate pH and large structural protein changes with aging on meat tenderness. *Meat science* 98, 637-45.
457. Wu W., Gao X.-G., Dai Y., Fu Y., Li X.-M. & Dai R.-T. (2015) Post-mortem changes in sarcoplasmic proteome and its relationship to meat color traits in *M. semitendinosus* of Chinese Luxi yellow cattle. *Food Research International* 72, 98-105.
458. Xiong Y.L. (1997) Protein denaturation and functionality losses. In: *Quality in frozen food* (pp. 111-40. Springer.
459. Yang X., Li L., Song J., Palmer L.C., Li X. & Zhang Z. (2014) Peptide prefractionation is essential for proteomic approaches employing multiple-reaction monitoring of fruit proteomic research. *Journal of separation science* 37, 77-84.
460. Yu Q., Tian X., Shao L., Xu L., Dai R. & Li X. (2018) Label-free proteomic strategy to compare the proteome differences between longissimus lumborum and psoas major muscles during early postmortem periods. *Food Chemistry* 269, 427-35.
461. Yu Q.P., Feng D.Y., Xiao J., Wu F., He X.J., Xia M.H., Dong T., Liu Y.H., Tan H.Z., Zou S.G., Zheng T., Ou X.H. & Zuo J.J. (2017) Studies on meat color, myoglobin content, enzyme activities, and genes associated with oxidative potential of pigs slaughtered at different growth stages. *Asian-Australasian journal of animal sciences* 30, 1739-50.
462. Zapata I., Zerby H.N. & Wick M. (2009) Functional proteomic analysis predicts beef tenderness and the tenderness differential. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 57, 4956-63.
463. Zhai C., Djimsa B.A., Prenni J.E., Woerner D.R., Belk K.E. & Nair M.N. (2020) Tandem mass tag labeling to characterize muscle-specific proteome changes in beef during early postmortem period. *J Proteomics* 222, 103794.
464. Zhang J., Ma D. & Kim Y.H.B. (2020) Mitochondrial apoptosis and proteolytic changes of myofibrillar proteins in two different pork muscles during aging. *Food Chemistry* 319, 126571.
465. Zhang M., Wang D., Geng Z., Bian H., Liu F., Zhu Y. & Xu W. (2014) The level of heat shock protein 90 in pig Longissimus dorsi muscle and its relationship with meat pH and quality. *Food Chemistry* 165, 337-41.
466. Zhang M., Wang D., Xu X. & Xu W. (2019) Comparative proteomic analysis of proteins associated with water holding capacity in goose muscles. *Food Research International* 116, 354-61.
467. Zhang W., Xiao S. & Ahn D.U. (2013) Protein Oxidation: Basic Principles and Implications for Meat Quality. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition* 53, 1191-201.

468. Zhang W.G., Lonergan S.M., Gardner M.A. & Huff-Lonergan E. (2006) Contribution of postmortem changes of integrin, desmin and μ -calpain to variation in water holding capacity of pork. *Meat science* 74, 578-85.
469. Zhao L., Li F., Zhang X., Zhang D., Li X., Zhang Y., Zhao Y., Song Q., Huang K., Xu D., Cheng J., Wang J., Li W., Lin C. & Wang W. (2022) Integrative analysis of transcriptomics and proteomics of longissimus thoracis of the Hu sheep compared with the Dorper sheep. *Meat Sci* 193, 108930.
470. Zhou C.Y., Pan D.D., Cao J.X. & Zhou G.H. (2021) A comprehensive review on molecular mechanism of defective dry-cured ham with excessive pastiness, adhesiveness, and bitterness by proteomics insights. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety* 20, 3838-57.
471. Zhu Y., Gagaoua M., Mullen A.M., Viala D., Rai D.K., Kelly A.L., Sheehan D. & Hamill R.M. (2021) Shotgun proteomics for the preliminary identification of biomarkers of beef sensory tenderness, juiciness and chewiness from plasma and muscle of young Limousin-sired bulls. *Meat science* 176, 108488.
472. Zimmerman M., Grigioni G., Taddeo H. & Domingo E. (2011) Physiological stress responses and meat quality traits of kids subjected to different pre-slaughter stressors. *Small Ruminant Research* 100, 137-42.
473. Zot A.S. & Potter J.D. (1987) Structural aspects of troponin-tropomyosin regulation of skeletal muscle contraction. *Annual review of biophysics and biophysical chemistry* 16, 535-59.
474. Zuo H., Han L., Yu Q., Guo Z., Ma J., Li M., La H. & Han G. (2018) Proteomic and bioinformatic analysis of proteins on cooking loss in yak longissimus thoracis. *European Food Research and Technology* 244, 1211-23.
475. Zuo H., Han L., Yu Q., Niu K., Zhao S. & Shi H. (2016) Proteome changes on water-holding capacity of yak longissimus lumborum during postmortem aging. *Meat science* 121, 409-19.

Résumé

Cette thèse avait pour objectifs d'explorer la production et la consommation de la viande caprine en Algérie, spécifiquement dans la région de Kabylie, tout en visant une caractérisation technologique, sensorielle, biochimique et moléculaire par l'identification de biomarqueurs par une approche de protéomique à haut débit. La première partie s'est intéressée à la caractérisation des pratiques et systèmes d'élevage caprins dans la wilaya de Tizi-Ouzou. Pour cela, des enquêtes ont été menées auprès de 49 éleveurs. L'impact de divers facteurs socio-économiques, tels que l'âge, le sexe, le niveau d'éducation et l'expérience sur les pratiques d'élevage ont été recensées et évaluées. Les analyses multidimensionnelles ont permis d'identifier quatre typologies de pratiques d'élevage (clusters et systèmes de production/d'élevage) : 1) "système de production extensif ou pastoral", 2) "système traditionnel amélioré", 3) "système d'élevage intensif", et 4) "système de production intensif". Ce travail a fourni un aperçu précieux sur l'élevage caprin en région de Kabylie, en particulier dans la wilaya de Tizi-Ouzou. La deuxième partie s'est focalisée sur les attitudes, préférences et pratiques d'achat et de consommation de la viande caprine en région de Kabylie (wilayas de Tizi-Ouzou, Bejaia et Bouira). Pour cela, une autre enquête en ligne a été réalisée afin de recenser les pratiques liées à la consommation de la viande caprine et la comparer à celle de cinq autres espèces bouchères (bovin, ovin, équin, camelin et volaille). L'enquête réalisée auprès de 665 participants a révélé que la viande de volaille est la plus consommée et appréciée par les consommateurs, suivi des viandes bovine et ovine. La viande caprine occupe une position intermédiaire, tandis que les viandes cameline ou chevaline sont rarement ou jamais consommées. Cette étude est la première à relever en région de Kabylie les fréquences de consommation et d'appréciation de plusieurs types de viandes. Les troisièmes et quatrièmes parties constituant l'objectif ultime de la thèse, visaient l'identification de biomarqueurs protéiques de la qualité de la viande caprine par une approche de protéomique à haut débit en étudiant deux muscles divergents dans leur propriétés contractiles et métaboliques (*Longissimus thoracis* (LT) et *Semitendinosus* (ST)). Pour le muscle LT, une caractérisation complète a eu lieu par l'étude de la qualité de la viande par plusieurs paramètres, la création de groupes de qualités (haute, faible et intermédiaire) se basant sur la texture, l'identification des signatures moléculaires protéomiques et biomarqueurs associés à la variabilité de la texture. Ainsi, 25 protéines étaient différenciellement abondantes et leur exploration à l'aide de la bioinformatique a révélé que trois voies biologiques majeures étaient impliquées : la structure musculaire, le métabolisme énergétique et la réponse au stress. Ces protéines ont été aussi corrélées avec les différents paramètres de qualité évalués. En plus d'avoir mis en évidence, dans une comparaison de qualité multicritères, les changements post-mortem précoces dans le protéome du muscle LT, cette étude a aussi proposé pour la première fois des biomarqueurs de la qualité. Pour le muscle ST, une analyse temporelle de l'évolution et la comparaison du protéome musculaire au cours de trois temps post-mortem (1, 8 et 24 heures) a été effectuée. Le profilage protéomique temporel a révélé plusieurs protéines changeantes qui appartiennent à une myriade de voies interconnectées. Les protéines de liaison, transport et homéostasie du calcium, ainsi que la contraction et la structure musculaires, ont présenté une contribution équivalente au cours de la période post-mortem, ce qui démontre leur rôle central. Les voies du métabolisme énergétique ainsi que la protéolyse étaient des voies actives dès les premières heures suivant l'abattage. À l'inverse, le stress oxydatif, la réponse à l'hypoxie et l'homéostasie redox cellulaire, ainsi que les protéines de réponse au stress représentaient la majeure partie des processus biochimiques, surtout après 8 heures post-mortem. L'étude a également mis en évidence le rôle des protéines ribosomales, ce qui signifie que plusieurs protéines subissant des changements au cours de la maturation subissent également des modifications d'épissage, ce qui est par exemple un mécanisme connu pour les protéines mitochondriales. Grâce à des analyses bioinformatiques approfondies et à une nouvelle approche de l'étude de la maturation de la viande au moyen de la protéomique temporelle, cette étude a mis en évidence pour la première fois les changements dynamiques dans le temps et les signatures moléculaires qui sous-tendent la transformation du muscle de chèvre en viande. Les différents volets de cette thèse offrent un panorama détaillé des processus biochimiques et protéolytiques post-mortem associés à la qualité de la viande caprine, ouvrant la voie à une meilleure compréhension de la production de viande caprine et à des perspectives d'amélioration de sa qualité.

Mots Clés : Caprins ; Viande ; Elevage ; Production ; Consommation ; Protéomique ; Biomarqueurs ; Qualité.

Abstract

This thesis aimed to explore the production and consumption of goat meat in Algeria, more specifically in the Kabylia region, while aiming an overall characterization of the technological, sensory, biochemical and molecular characterization through the discovery of protein biomarkers using a high-throughput proteomics approach. The first part of the thesis focused on characterizing goat breeding practices and production systems in the province of Tizi-Ouzou. To this end, face-to-face surveys were carried out with 49 breeders. The impact of various socio-economic factors, such as age, gender, level of education and experience on breeding practices were identified and assessed. Multivariate analyses identified four typologies of livestock practices (clusters and production/livestock systems): 1) "extensive or pastoral production system", 2) "improved traditional system", 3) "intensive livestock system", and 4) "intensive production system". This work has provided a valuable overview of goat farming in the Kabylia region, particularly in the province of Tizi-Ouzou. The second part focused on the purchase, consumption attitudes, preferences and practices related to goat meat in the Kabylia region (provinces of Tizi-Ouzou, Bejaia and Bouira). To this end, another but online survey was carried out to identify goat meat consumption practices and compare them with those of five other meat species (beef, sheep, horse, camel and poultry). The survey of 665 participants revealed that poultry meat is the most consumed and appreciated by consumers, followed by beef and sheep meat. Goat meat occupies an intermediate position, while camel or horse meats are rarely or never consumed. This study is the first to record the frequency of consumption and appreciation of several types of meat in the Kabylia region. The third and fourth parts of the thesis, which constitute the major objectives of the thesis, aimed at identifying protein biomarkers of goat meat quality using a high-throughput proteomics approach, by studying two muscles with divergent contractile and metabolic properties (*Longissimus thoracis* (LT) and *Semitendinosus* (ST)). For the LT muscle, an overall characterization was conducted by the evaluation of meat quality using several quality traits, creating quality groups (high, low and intermediate) based on texture, identifying proteomic molecular signatures and biomarkers associated with texture variability. Thus, 25 proteins were differentially abundant, and their exploration using bioinformatics revealed that three major biological pathways were involved: muscle structure, energy metabolism and stress response. These proteins were also correlated with the various quality parameters assessed. In addition to highlighting early post-mortem changes in the LT muscle proteome in a multi-criteria quality comparison, this study also proposed for the first-time goat meat quality biomarkers. For ST muscle, a temporal profiling of the evolution and comparison of the muscle proteome over three post-mortem times (1, 8 and 24 hours) was carried out. Temporal proteomic profiling revealed several changing proteins, which belong to a myriad of interconnected pathways. Calcium binding, transport and homeostasis proteins, as well as muscle contraction and structure, showed an equivalent contribution over the post-mortem period, demonstrating their central role. Energy metabolism and proteolysis pathways were active since the first hours after slaughter. Conversely, oxidative stress, hypoxia response and cellular redox homeostasis, as well as stress response proteins, had pivotal contribution in of biochemical processes, especially after 8 hours post-mortem. The study also highlighted the role of ribosomal proteins, meaning that several proteins undergoing changes during meat tenderization also undergo splicing modifications, which is, for instance, a known mechanism for mitochondrial proteins. By means of an in-depth bioinformatics analyses and the novel approach of studying meat tenderization using temporal proteomics, this study has revealed for the first time the dynamic changes over time and molecular signatures underlying the transformation of goat muscle into meat. The different chapters of this thesis, more importantly the last two ones, provided a detailed overview of the post-mortem biochemical and proteolytic processes associated with goat meat quality, paving the way for a better understanding of goat meat production and prospects for improving its quality.

Keywords: Goats ; Meat ; Livestock production ; Consumption ; Proteomics ; Biomarkers ; Quality.

Agzul

Iswan n tezrawt-a d asmedren yef ufares d wučči n uksum n umaëiz deg Lezzayer, ladya deg temnađt n Leqbayel. Akken dayen i tbedd yef usettwel atiknuluji, aħulfan, asnudran akruran d tebruyant s usebgen n limarat tismudranin s tsamit taprutiyumit.

Aħric amezwaru yerza asetwel n tigawin d yinagrawen n urebbi n wulli deg wasun n Tizi Wezzu. Gef waya, ttwaxedmen yinadiyen yef 49 n wid yettrebbin amaëiz. Negmer-d, yerna nektazel isefranen yerzan tanmetidelsant, am leëmer, uzuf, aswir n ulmad d tirmit n tigawin n urebbi. Tiselđin tigtyulanin sawđent s asetwel n rebëa n wanawen n tigawin n urebbi (agraw n yinagrawen n ufares/n urebbi) : 1) anagraw n ufares ahrawan ney n teksawt”, 2) “aseggem n unagraw amensay”, 3) “anagraw n urebbi udwis”, 4) “anagraw n ufares udwis”. Amahil-a yefka-d tamuylis s wazal-is yef urebbi n umaëiz deg temnađt n Leqbayel, ladya deg wasun n Tizi Wezzu.

Aħric wis sin yeena addaden, ismenyifen d tigawin n lbië d wučči n uksum n umaëiz deg temnađt n Leqbayel (asun n Tizi Wezzu, Bgayet d Tubiret). Gef waya anadi-nniđen umđin iyettwaxedmen i usiđen n tigawin yurzen yer wučči n uksum n umaëiz d userwes-is yer tin n xemsa-nniđen (abeqri, ayelmi, aëudiw, alyem d uyaziđ). Anadi yeena 665 n yimtekkiyen i d-yesbegnen belli d aksum n uyaziđ i tetten, i d-iëgben imdanen, ad d-tedfer tin n uyelmi d beqri. Aksum n umaëiz yezga-d deg umđiq alemmas, ma d ikesman n ulym d uëudiw drus ney werđin ttwaččen. Tazrawt-a d tamezwarut i d-yeskanen talemast n wučči d ueğab n wařas n wanawen n uksum deg temnađt n Leqbayel.

Aħric wis krađ d wis ukkuř bedden yef yiswi agejdan n tezrawt, yeenan asetwel n limarat tismudranin d teprutinit d tyara n uksum n umaëiz s tsamit taprutiyumit s uzraw n sin n yifessugan(lfurřa) yemgaraden (LT) d (ST). Afessug (LT) yella-d usetwel-is akemmali s uzraw n tyara n uksum seg tama n wayendin n yiyewwaren, d usnulfu n yigrawen n tyariwin yemgaraden, nufa 25 n iprutinen i yemxallafen deg tillin, nukex-iten s usemres n tsenselkimt tasnudrant. Iban-d dakken iprutinen-a ttayen krađ n yiberdan isnudranen.

Tazrawt-a tettnadi yef iprutinen i yellan deg ufessug n umaëiz seld mi yemmut uyërsiw (ST) d wassay i yesëa d tyara n uksum. Limarat tismudranin n tyara ttwastewlent i tikkelt tamezwarut. Tazrawt-a tesserwas dayen gar yiprutinen i yellan deg ufessug deg yimiren yemgaraden deffir lmut (1, 8, 24 n tsætin) teskan-d dayen ibeddilen n wařas n iberdan isnudranen d wakruran. Iprutinen yeqqnen yer kalsyum, yer ucuddu n ufessug d tyessa, akked tid yurzen yer useqleb d usenqes n wazal n yiprutinen, wigi ttbanen-d mazal xedmen deg swayee timezwura deffir lmut. Maca afcal uksidi d tririt tibuksit d yiprutinen n tririt i ufcâl, ttbanen-d ttzaden seld 8 swayee.

S usemres n tselđin tismudranin s tsenselkimt d tsamit ibedden yef teprutiyumit takudant, tazrawt-a tesken-d ibeddilen imenduyen d tecrađ tibruyanin d wamek i yettuřal uyërsiw (amaëiz) d aksum. Igemmađ-a sifriren tigzi n ufares n uksum n umaëiz d wamek i yezmer ad yiliuseggem n tyara-is.

Awalen-tisura : amaëiz : arebbi ; afares ; učči ; taprutiyumit ; ticrađtismudranin, tayara.

ملخص

تهدف هذه الأطروحة إلى دراسة عملية إنتاج واستهلاك لحوم "الماعز" في الجزائر، وتحديدًا في منطقة القبائل، وتهدف إلى الوصف الشامل للخصائص التكنولوجية والحسية والكيميائية الحيوية والجزيئية من خلال اكتشاف المؤشرات الحيوية للبروتين باستخدام نهج البروتينات عالية الإنتاجية. ركز الجزء الأول من الأطروحة على وصف ممارسات تربية الماعز وأنظمة الإنتاج في ولاية "تيزي وزو". وبلغا لهذه الغاية، أجريت دراسات استقصائية مع 49 من المربي الماعز. وتم تحديد وتقييم أثر مختلف العوامل "الاجتماعية - الاقتصادية، مثل السن ونوع الجنس ومستوى التعليم والخبرة" في ممارسات وسلوكيات مربي المواشي. وحددت التحليلات لعدد المتغيرات أربعة أنواع من ممارسات في تربية الماشية (المجموعات ونظم الإنتاج/الماشية): (1) "نظام الإنتاج الشامل أو الرعوي"، (2) "النظام التقليدي المحسن"، (3) "نظام تربية الماشية المكثف"، (4) "نظام الإنتاج المكثف". حيث قدم هذا العمل لمحة عامة قيمة عن تربية الماعز في منطقة القبائل عامة، و ولاية "تيزي وزو" على وجه الخصوص. وركز الجزء الثاني على الشراء، وثقافة الاستهلاك، والتفضيل والممارسات المتعلقة بلحم الماعز في منطقة القبائل (ولاية تيزي وزو، بجاية، والبويرة). وتحقيقاً لهذه الغاية، أجريت دراسة استقصائية أخرى على شبكة الإنترنت لتحديد سلوكيات المستهلك للحوم الماعز ومقارنتها بخمسة أنواع أخرى من اللحوم (لحم البقر والأغنام الخيول الجمال والدواجن). وكشف الاستطلاع الذي شمل 665 مشارك أو مستهلك أن لحم الدواجن هي أكثر اللحوم استهلاكاً وتفضيلاً من قبل المستهلكين، تليها لحوم البقر ولحوم الأغنام. في حين يحتل لحم الماعز مكانة متوسطة، أما أن لحوم الجمال أو الخيول نادراً ما تستهلك أو لا تستهلك أصلاً. وهذه الدراسة هي الأولى التي تسجل معدل استهلاك وتقدير أنواع عديدة من اللحوم في منطقة القبائل. أما الجزء الثالث والرابع من الأطروحة، والتي تشكل الأهداف الرئيسية للأطروحة، تهدف إلى تحديد المؤشرات الحيوية البروتينية لجودة لحم الماعز باستخدام "نظرية البروتيوميات" عالية الإنتاجية، من خلال دراسة عضلتين مع التقلص المتباعد والخصائص الأيضية (Longissimus thoracis (LT) و Semitendinosus (ST) بالنسبة لعضلة للمفاوية، تم إجراء وصف شامل من خلال تقييم جودة اللحوم باستخدام العديد من سمات الجودة، وإنشاء مجموعات الجودة (عالية، منخفضة ومتوسطة) على أساس الملمس، وتحديد التوقيعات الجزيئية البروتينية والمؤشرات الحيوية المرتبطة بتقلب الملمس. وهكذا، كانت 25 بروتينا متوفرة بشكل مختلف، وتوصلنا لهذه النتائج باستخدام المعلوماتية الحيوية كشفنا عن ثلاثة مسارات بيولوجية رئيسية وهي كالتالي: هيكل العضلات، استقلاب الطاقة والاستجابة للإجهاد. كما ارتبطت هذه البروتينات مع مختلف معايير الجودة التي تم تقييمها. بالإضافة إلى تسليط الضوء على التغييرات المبكرة بعد النحر في بروتين عضلة الليثيوم في مقارنة الجودة متعددة المعايير، اقترحت هذه الدراسة أيضاً ولأول مرة المؤشرات الحيوية لجودة لحم الماعز. بالنسبة لعضلة القلب الاصطناعي، تم إجراء تنميط مؤقت للتطور ومقارنة البروتين العضلي على مدى ثلاث مرات بعد النحر (1 و 8 و 24 ساعة). كشف التنميط البروتيني الصدغي عن العديد من البروتينات المتغيرة، والتي تنتمي إلى عدد لا يحصى من المسارات المترابطة. أظهرت بروتينات ربط الكالسيوم والنقل والتوازن الداخلي، بالإضافة إلى تقلص العضلات وبنيتها، مساهمة مماثلة على مدى فترة ما بعد النحر، مما يدل على دورها المركزي. كانت مسارات استقلاب الطاقة والتحلل لبروتيني نشطة منذ الساعات الأولى بعد الذبح. وعلى العكس من ذلك، فإن الإجهاد التأكسدي والاستجابة لنقص الأكسدة والردود الخلوية، فضلاً عن بروتينات الاستجابة للإجهاد، كان لها مساهمة محورية في العمليات الكيميائية الحيوية، خاصة بعد 8 ساعات من النحر. كما أبرزت الدراسة أيضاً دور البروتينات الريبوسومية، مما يعني أن العديد من البروتينات التي تخضع لتغيرات أثناء تنقية اللحوم تخضع أيضاً لتعديلات في التجانس، على سبيل المثال، آلية معروفة لبروتينات الميتوكوندريا. من خلال تحليلات المعلوماتية الحيوية المتعمقة والنظرية الجديدة لدراسة تنميط اللحوم باستخدام البروتيوميات الزمنية، كشفت هذه الدراسة لأول مرة عن التغييرات الديناميكية عبر الزمن والتوقيعات الجزيئية التي تكمن وراء تحويل عضلة الماعز إلى لحم. قدمت الفصول المختلفة من هذه الأطروحة، والأهم من ذلك الفصلان الأخيران، نظرة عامة مفصلة على عمليات الكيمياء الحيوية والبروتينات بعد النحر المرتبطة بجودة لحم الماعز، مما يمهد الطريق لفهم أفضل لإنتاج لحم الماعز وأفاق تحسين جودته.

كلمات رئيسية: الماعز ، اللحوم ، تربية المواشي ، الاستهلاك ، البروتيوميات ، المؤشرات الحيوية ، الجودة.