

# Paramètres génétiques des principales anomalies congénitales porcines

Catherine LARZUL (1), Isabelle DELAUNAY (2), Sandrine SCHWOB (2), Marie-José MERCAT (2)

(1) INRA UR337, SGQA, F78350 Jouy-en-Josas

(2) IFIP Institut du Porc, La Motte au Vicomte - BP 35104, 35651 Le Rheu

catherine.larzul@jouy.inra.fr

## Genetic parameters for the main congenital disorders in pigs.

Congenital disorders are a preoccupation in pig breeding although their incidence is very limited, around 1%. They induce mortality, carcass depreciation, and remarks on animal welfare. The main disorders registered in French pig populations are scrotal and umbilical hernia, cryptorchidism and intersexuality. Disorder frequencies are known to be influenced by feeding and sanitary environmental factors but also by genetic factors. Genetic basis of these disorders is poorly known. The present study reports heritability values estimated from data recorded in three pig populations (A, B, C). Parameters were estimated in families with at least one affected animal using a discrete modelisation with a threshold model. For the population A, heritability values were found to be moderate for scrotal and umbilical hernia (0.27 and 0.37, respectively), low for cryptorchidism (0.11) and high for intersexuality (0.81). Due to small numbers of affected animals, heritability values were estimated only for umbilical hernia (0.60) and scrotal hernia (0.06) in the population B and could not be estimated in the population C. When genetic parameters were estimated considering the three populations altogether, heritability values were very similar to those estimated in the A population alone.

## INTRODUCTION

Les anomalies congénitales représentent une préoccupation pour la production porcine. Elles induisent une augmentation de la mortalité des animaux et une dépréciation des carcasses à l'abattoir entraînant potentiellement des pertes économiques. De plus, la présence d'anomalies dans un élevage est souvent mal perçue pour des raisons de bien-être et d'éthique. Les causes de ces anomalies sont souvent mal identifiées et d'origines diverses : facteurs génétiques, alimentaires ou sanitaires. Les anomalies congénitales sont définies comme une modification d'un organe plus ou moins apparente, présente dès la naissance de l'animal. Cette modification peut altérer le fonctionnement de l'organe. Les principales anomalies répertoriées chez le porc sont la hernie ombilicale, la hernie inguinale/scrotale, la cryptorchidie, l'intersexualité, l'atrophie ou la dissymétrie testiculaire, l'atrophie de la vulve, l'anus imperforé (atrésie anale), le prognathisme facial, le phimosis, la rétention urinaire et différentes formes de tremblement. On peut y ajouter de manière non exhaustive d'autres malformations telles que le syndrome d'abduction des membres (« splayleg »), l'arthrogrypose, la fente palatine, le nanisme et l'absence de queue.

Le déterminisme génétique de ces anomalies est plus complexe que la simple transmission d'un gène défectueux comme le montrent les études génétiques réalisées depuis plus de 50 ans.

Une meilleure connaissance du déterminisme génétique permettra de prendre en compte dans les schémas de sélection ces aspects qui apparaissaient jusqu'à présent secondaires et éventuellement de répondre à de nouvelles contraintes réglementaires.

## 1. MATÉRIELS ET MÉTHODES

### 1.1. Données

Les données sont issues des observations notées dans des élevages de sélection entre 1996 et 2006. Elles concernent trois populations sélectionnées françaises, désignées par les lettres A, B et C. Les données initialement extraites concernent les animaux atteints ainsi que les animaux non atteints présents dans les mêmes bandes de naissance.

Les anomalies retenues sont :

- la **hernie ombilicale**, renflement souple au niveau du nombril causé par une faiblesse musculaire ; une protrusion se forme alors dans un orifice naturel (anneau) qui s'affaiblit et permet la descente du contenu abdominal dans la région ombilicale,
- la **hernie scrotale**, renflement souple au niveau de l'aîne ou du scrotum, correspondant à un passage de l'intestin grêle dans le scrotum. Les hernies scrotales atteignent majoritairement les mâles mais peuvent aussi concerner les femelles.

- la **cryptorchidie**, anomalie du développement de l'appareil génital mâle qui se caractérise par l'absence de descente d'un ou des deux testicules de la cavité abdominale dans le scrotum,
- l'**intersexualité**, caractérisée par le fait que l'animal possède un appareil reproducteur présentant à la fois des éléments du mâle et de la femelle.

La fréquence des anomalies par population est reportée dans le tableau 1.

**Tableau 1 - Fréquences (%) des anomalies enregistrées par population**

Population	anomalie <sup>(1)</sup>			
	ho	hs	cr	is
A	1,04	1,30	0,29	0,26
B	1,76	0,85	0,10	0,08
C	0,98	1,13	0,73	0,75

<sup>(1)</sup> ho : hernie ombilicale, hs : hernie scrotale, cr : cryptorchidie, is : intersexualité.

## 1.2. Analyses statistiques

Pour l'estimation des paramètres génétiques, nous avons retenu l'ensemble des descendants des pères ayant au moins un porcelet atteint, soit 1700 pères pour un total de 320 000 animaux analysés au total. Deux estimations différentes ont été effectuées, d'abord dans chacune des populations A et B, puis dans l'ensemble des trois populations en prenant en compte un effet race. L'estimation des paramètres génétiques dans la population C n'a pas été possible compte tenu du très faible nombre d'animaux atteints enregistrés dans cette population.

Compte tenu de la nature binaire des caractères (0 : absence de l'anomalie, 1 : présence de l'anomalie), ils ont été analysés comme des caractères discrets avec un modèle à seuil. La transformation des données qui a été retenue est la transformation logit. Le seul effet fixe du modèle était l'effet sexe (pour les hernies ombilicales). L'effet bande de naissance a été inclus comme effet aléatoire. Le modèle génétique retenu ne tient compte que de l'effet père.

Les analyses ont été effectuées avec le logiciel ASREML (Gilmour et al., 2000).

## 2. RESULTATS-DISCUSSION

Les estimées des héritabilités pour les quatre anomalies congénitales sont présentées dans le tableau 2. Les fréquences très

**Tableau 2 - Estimées des héritabilités (erreur standard) des anomalies congénitales par population**

	ho	hs	cr	is
A	0,33 (0,07)	0,31 (0,06)	0,11 (0,12)	0,81 (0,17)
B	0,60 (0,15)	0,06 (0,13)	NE <sup>1</sup>	NE <sup>1</sup>
Ensemble	0,37 (0,07)	0,27 (0,15)	0,07 (0,11)	0,72 (0,15)

<sup>1</sup> Non estimable

faibles observées n'ont pas permis d'obtenir une estimation des héritabilités dans la population B pour la cryptorchidie et l'intersexualité.

Les héritabilités des anomalies congénitales sont mal connues à ce jour: elles ont rarement été estimées et les valeurs publiées sont très variables, quelle que soit l'anomalie. Ainsi, les héritabilités publiées varient de 0,05 à 0,7 pour la cryptorchidie, et de 0 à 0,86 pour la hernie scrotale (Beissner et al., 2003). Dans la population A, l'héritabilité pour l'apparition de hernies semble modérée, celle pour la cryptorchidie faible et celle pour l'intersexualité très élevée. Les différences d'estimées entre les populations sont difficilement interprétables compte tenu du nombre limité d'observations. Le choix de l'échantillonnage, ne tenant compte que des familles présentant au moins un animal atteint, a sans doute des conséquences sur l'estimation des héritabilités avec une augmentation de la valeur estimée.

## CONCLUSION

Les estimations des paramètres génétiques pour les principales anomalies enregistrées dans trois populations sélectionnées françaises montrent le caractère héritable de ces traits. Afin d'approfondir la connaissance du déterminisme génétique de ces caractères, il convient maintenant de rechercher plus précisément les zones du génome impliquées. Les premiers QTL ayant un effet sur les hernies scrotales et inguinales ont déjà été localisés dans d'autres populations (Grindflek et al., 2006)

## REMERCIEMENTS

Les auteurs remercient l'ensemble des éleveurs qui enregistrent régulièrement ces observations. Ce projet a reçu le soutien financier du Ministère de l'Agriculture et de la Pêche, dans le cadre d'une action innovante ANOPORC financée par le bureau de la génétique animale de la Direction générale des politiques économique, européenne et internationale.

## RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Beissner B., Hamann H., Distl O., 2003. Analysis of genetic parameters for congenital anomalies of the pig breeds German Landrace and Pietrain in Bavaria. ZUCHTUNGSKUNDE, 214-225.
- Grindflek E., Moe M., Taubert H., Simianer H., Lien S., Moen T., 2006. Genome-wide linkage analysis of inguinal hernia in pigs using affected sib pairs. BMC Genetics, 7:25.
- Gilmour A.R., Cullis B.R., Welham S.J., 2000. ASREML Reference Manual. NSW Agriculture, Orange, Australia.