

# Contrôle chromosomique des populations porcines en France : bilan 2007-2010

Alain PINTON (2,1), Anne CALGARO (1,2), Nathalie BONNET (1,2), Nicolas MARY (2,1), Anne Marie DUDEZ (2,1),  
Harmonie BARASC (1,2), Christophe PLARD (1,2), Martine YERLE (2,1), Alain DUCOS (1,2)

(1) INRA, UMR 444, Génétique Cellulaire, F-31076 Toulouse, France

(2) Université de Toulouse, INP, ENVT, UMR 444, Génétique Cellulaire, F-31076 Toulouse, France

a.pinton@envt.fr

## Chromosomal control of pig populations in France: 2007–2010 survey

Chromosomal control activities of pig populations in France have been widely developed during the last ten years. Up to now, more than 24000 individuals have been karyotyped in our laboratory. Ninety percent were young purebred boars controlled before service in artificial insemination centers.

One hundred and forty one structural chromosomal rearrangements have been identified to date, including 44 since 2007. Among these, 40 were reciprocal translocations, 2 peri- or paracentric inversions, 1 rearrangement involving one chromosome N°3 (not yet characterized), and 1 Robertsonian translocation Rob (15;18). Two out of the 40 reciprocal translocations involved the Y chromosome and one autosome.

The prevalence of balanced structural chromosomal rearrangements estimated in a sample of more than 16000 young boars controlled before service between 2002 and 2010 was 0.46%. The results presented in this communication indicate that the continuation of the chromosomal control program is essential.

## INTRODUCTION

L'effet défavorable des anomalies chromosomiques sur les performances de reproduction des animaux porteurs et/ou de leurs conjointes, et sur les résultats économiques des élevages concernés, a été documenté de longue date (voir par exemple : Gustavsson, 1980 ; Popescu, Tixier, 1984 ; Ducos *et al.*, 1998). Ces résultats sont à l'origine du développement, dès les années 70, de travaux de cytogénétique dans les espèces animales domestiques, et, plus récemment, de la mise en place dans notre laboratoire de programmes à grande échelle de contrôle chromosomique de populations animales d'élevage, porcines notamment (Ducos *et al.*, 2007a; Ducos *et al.*, 2008). L'objectif de ces programmes est d'identifier et caractériser des remaniements chromosomiques potentiellement responsables d'anomalies de développement et/ou de reproduction. Des bilans de cette activité ont été régulièrement présentés lors des JRP en 1997, 2003 et 2007 (Ducos *et al.*, 1997 ; Ducos *et al.*, 2002 ; Ducos *et al.*, 2007b). L'objectif de cette présentation est de faire un nouveau bilan concernant les résultats du contrôle chromosomique réalisé entre 2007 et 2010.

## 1. MATERIEL ET METHODES

### 1.1. Animaux contrôlés

Globalement, 90% des demandes d'analyses qui nous ont été adressées sur la période 2007-2010 concernaient de jeunes verrats âgés de 6 à 10 mois en attente d'agrément

(cytogénétique et sanitaire) pour une utilisation en centres d'insémination artificielle. La plupart étaient des animaux de race pure (lignées mâles et femelles) destinés à une utilisation dans les élevages de sélection et multiplication.

Quatre-vingt dix pour cent des analyses de ce type ont été réalisées à la demande de 3 organisations de sélection porcine françaises procédant au contrôle systématique de leur parc de verrats de race pure. Une seule de ces organisations représente à elle seule 48% des contrôles réalisés.

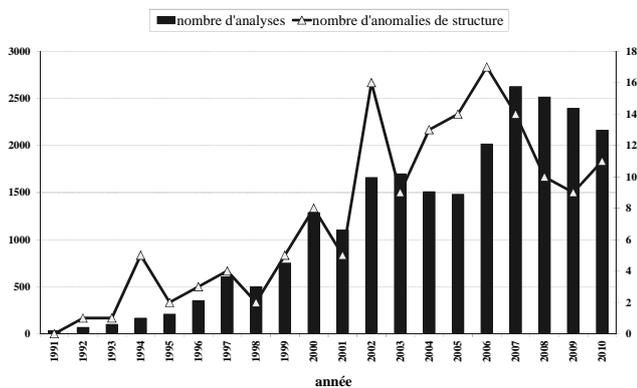
### 1.2. Méthodes

Toutes les analyses chromosomiques ont été réalisées à l'aide de techniques classiques de coloration en bande des chromosomes : bandes GTG (voir Ducos *et al.*, 1998 pour plus de détails). Pour chaque individu, le nombre de chromosomes de 10 cellules au moins est compté. Si ce nombre diffère de celui attendu ( $2n=38$ ) dans une ou plusieurs cellules, des comptages supplémentaires sont réalisés. Trois caryotypes complets au moins sont établis pour chaque individu. Les préparations chromosomiques sont analysées à l'aide du logiciel d'analyse d'image Genus (Applied Imaging®).

## 2. RESULTATS

Entre 2007 et 2010, 8377 animaux ont fait l'objet d'un contrôle chromosomique, soit environ 2000/an sur la période (chiffre relativement stable depuis 2005). Sur cette période, 42 remaniements chromosomiques de structure originaux ont été identifiés.

Trente huit (90%) étaient des translocations réciproques. Deux inversions péricentriques, une translocation Robertsonienne Rob(15;18) et une anomalie non caractérisée à ce jour (impliquant le chromosome 3) ont également été identifiées. Parmi les translocations réciproques, deux impliquaient le chromosome Y et un autosome, et ont été identifiées chez des verrats azoospermiques (Pinton *et al.*, 2008; Barasc *et al.*, 2011). Outre les anomalies chromosomiques de structure, 12 cas de mosaïcisme XX/XY et deux cas de verrats 39,XY ont également été diagnostiqués. Ces résultats et ceux obtenus précédemment dans le laboratoire permettent d'estimer très précisément la prévalence des remaniements chromosomiques de structure équilibrés dans les populations porcines analysées : 0,46 % dans un échantillon global de plus de 16000 jeunes verrats contrôlés avant leur mise à la reproduction (période 2002 à 2010), 0,50% si on considère les 8377 jeunes verrats contrôlés sur la période récente (2007-2010).



**Figure 1** - Evolution des analyses chromosomiques porcines et du nombre d'anomalies de structure identifiées

Les résultats présentés à la figure 1 montrent que, depuis le début des années 2000, 8 à 17 anomalies chromosomiques de structure sont identifiées annuellement. Il est important de signaler que ces remaniements sont systématiquement de nouvelles anomalies, résultantes d'accidents cellulaires non prédictibles. La plupart sont des translocations réciproques (près de 85% globalement). Ces anomalies sont connues pour induire chez les porteurs la production d'une proportion élevée à très élevée de gamètes déséquilibrés (Pinton *et al.*, 2004 ; Pinton *et al.*, 2005 ; Massip *et al.*, 2008), et une baisse concomitante importante de prolificité chez les conjointes (41% en moyenne-Ducos *et al.*, 1997). Sachant que 50% des descendants d'un individu porteur (verrat par exemple) sont eux-mêmes porteurs de l'anomalie, on peut considérer que les contrôles réalisés depuis près de 20 ans en France ont permis d'éviter la diffusion massive d'anomalies chromosomiques dans les populations porcines françaises, et des pertes économiques associées potentiellement très élevées.

## CONCLUSION

Plus de 24000 verrats ont fait à ce jour l'objet d'une analyse chromosomique dans notre laboratoire (référence dans ce domaine ; le nombre global d'analyses effectuées dans d'autres pays est beaucoup plus faible – Ducos *et al.*, 2008), faisant ainsi de l'espèce porcine l'espèce la plus étudiée d'un point de vue chromosomique après l'Homme. Nos résultats montrent qu'un verrot sur 200 est porteur d'une anomalie chromosomique, généralement une translocation réciproque. Ils indiquent la nécessité de poursuivre, voire d'amplifier les programmes de contrôle chromosomique des populations porcines françaises à grande échelle initiés il y a 15 ans.

## REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Barasc H., Mary N., Raymond Letron I., Calgaro A., Duzet A.M., Bonnet N., Lahbib-Mansais Y., Yerle M., Ducos A., Pinton A., 2011. Y-autosome translocation interferes with meiotic sex inactivation and expression of autosomal genes: a case study in the pig. *Sex. Dev.*, accepté pour publication.
- Ducos A., Berland H.M., Pinton A., Seguela A., Blanc M.F., Darre A., Sans P., Darre R., 1997. Les translocations réciproques chez le porc : état des lieux et perspectives. *Journées Rech. Porcine* 29, 375-382.
- Ducos A., Berland H.M., Pinton A., Guillemot E., Seguela A., Blanc M.F., Darre A., Darre R., 1998. Nine new cases of reciprocal translocation in the domestic pig (*Sus scrofa domestica* L.). *J. Hered.*, 89, 136-142.
- Ducos A., Pinton A., Berland H.M., Seguela A., Brun-Baronnat C., Bonnet N., Darre R., 2002. Contrôle chromosomique des populations porcines en France : bilan de cinq années d'activité. *Journées Rech. Porcine*, 34, 269-275.
- Ducos A., Berland H.M., Bonnet N., Calgaro A., Billoux S., Mary N., Garnier-Bonnet A., Darre R., Pinton A., 2007a. Chromosomal control of pig populations in France: 2002-2006 survey. *Genet. Sel. Evol.*, 39, 583-597.
- Ducos A., Berland H., Bonnet N., Seguela A., Benneji M., Billoux S., Garnier-Bonnet A., Darre A., Pinton A., 2007b. Contrôle chromosomique des populations porcines en France : bilan 2002-2006. *Journées Rech. Porcine*, 39, 281-288.
- Ducos A., Revay T., Kovacs A., Hidas A., Pinton A., Bonnet-Garnier A., Molteni L., Slota E., Switonski M., Arruga M.V., van Haeringen W.A., Nicolae I., Chaves R., Guedes-Pinto H., Andersson M., Iannuzzi L., 2008. Cytogenetic screening of livestock populations in Europe: an overview. *Cytogenet. Genome Res.*, 120, 26-41.
- Gustavsson I., 1980. Banding techniques in chromosome analysis of domestic animals. *Adv. Vet. Sci. Comp. Med.*, 24, 245-289.
- Massip K., Berland H., Bonnet N., Calgaro A., Billoux S., Baquie V., Mary N., Bonnet-Garnier A., Ducos A., Yerle M., Pinton A., 2008. Study of inter- and intra-individual variation of meiotic segregation patterns in t(3;15)(q27;q13) boars. *Theriogenology*, 70, 655-661.
- Pinton A., Ducos A., Yerle M., 2004. Estimation of the proportion of genetically unbalanced spermatozoa in the semen of boars carrying chromosomal rearrangements using spermFISH. *Genet. Sel. Evol.*, 36, 123-137.
- Pinton A., Faraut T., Yerle M., Gruand J., Pellestor F., Ducos A., 2005. Comparison of male and female meiotic segregation patterns in translocation heterozygotes: a case study in an animal model (*Sus scrofa domestica* L.). *Hum. Reprod.*, 20, 2476-2482.
- Pinton A., Raymond Letron I., Berland H.M., Bonnet N., Calgaro A., Garnier-Bonnet A., Yerle M., Ducos A., 2008. Meiotic studies in an azoospermic boar carrying a Y;14 translocation. *Cytogenet. Genome Res.*, 120, 106-111.
- Popescu C.P., Tixier M., 1984. L'incidence des anomalies chromosomiques chez les animaux de ferme et leurs conséquences économiques. *Ann. Génét.*, 27, 69-72.