

# Structure génétique de la population porcine férale de Martinique

*Jean-Luc GOURDINE (1), Mélain BRUCTER (2), Katia BENONY (2), Mélissa CYRILLE (3), Claudine VERTUEUX-DEGRAS (4), Marie-France SERVIER (5), Alain LOF (6), Gisèle ALEXANDRE (1)*

*(1) INRA UR143 URZ, Domaine Duclos Prise d'eau, 97170 Petit-Bourg, France*

*(2) INRA UE503 PTEA, Domaine Duclos Prise d'eau, 97170 Petit-Bourg, France*

*(3) COOPMAR, imm Ucaviande, 97232 Le Lamentin, France*

*(4) Chambre d'Agriculture de Martinique, Rue Case Nègre, 97232 Le Lamentin, France*

*(5) Ruralité-Multiservices, BP 90240, 97257 Fort-de-France, France*

*(6) Parc Naturel de Martinique, Avenue des Canéficiers, 97257 Fort-de-France, France*

*Jean-luc.gourdine@inra.fr*

## Structure génétique de la population porcine férale de Martinique

Le Parc Naturel de Martinique (PNM) a l'objectif de maintenir et de valoriser la biodiversité de son territoire. Selon l'expertise de terrain des agents du PNM, des porcs féraux vivent librement dans les montagnes du nord de l'île, sur la côte sud, ou capturés, puis élevés en semi-liberté dans des élevages traditionnels en milieu rural. Les objectifs de cette étude étaient de caractériser génétiquement les porcs féraux de Martinique. Un total de 67 animaux (féraux capturés, semi-féaux ou des porcs d'élevage considérés comme race Créole par leurs propriétaires) ont été génotypés avec la puce porcine IlluminaSNP60. Ces génotypes ont été comparés à ceux disponibles, dont sept types génétiques ou races de référence, potentiellement fondatrices des porcs féraux de Martinique (Ibérique, Large White, Landrace, Hampshire, Duroc, Piétrain et quelques races chinoises), et des races Créole de différentes régions américaines. Les résultats obtenus montrent que la race ibérique contribue fortement à la structure génétique des porcs féraux de Martinique (en moyenne 24 % pour 8 groupes), à l'image de la majorité des races porcines Créole de la Caraïbe et de l'Amérique du Sud. Les analyses génétiques ont aussi permis de distinguer les porcs d'apparence Créole « Creole-like », où la part génétique d'origine ibérique est négligeable ou nulle, des animaux Créole par leur proportion de SNP spécifiques ibériques. Les résultats soulignent l'importance de l'utilisation des outils de la génomique, particulièrement en absence de livres généalogiques, pour caractériser et distinguer la diversité des types génétiques présents sur l'île de la Martinique.

## Genetic structure of the feral pig population of Martinique

The Martinique Regional Nature Park (PNM) aims to maintain and highlight the biodiversity of the region. Based on PNM's expertise, feral pigs live freely in the mountains in the north and on the south coast or are captured and reared by traditional livestock farmers in the countryside. The aim of the study was to genetically characterise the feral pigs of Martinique. A total of 67 animals (feral captured, semi-feral or pigs considered as Creole by their owners) were genotyped using the porcine IlluminaSNP60 BeadChip. These genotypes were compared to available genotypes of seven breeds considered as potential founders of feral pigs in Martinique (Iberian, Large White, Landrace, Hampshire, Duroc, Pietrain and some Chinese breeds) and Creole pig breeds from several areas of the Americas. Results showed that the Iberian pig was the main component of the genetic admixture of the feral pigs of Martinique (24% on average for 8 clusters), like for most Creole breeds of the Caribbean and South America. Our genetic analyses also distinguished "Creole-like" pigs, which look like Creole pigs but have little or no Iberian component in their genetic composition, from true Creole pigs. Our results stress the importance of using genomic tools, particularly in absence of herdbooks or pedigrees, to characterise and distinguish the diversity of pig breeds available on the island of Martinique.

## INTRODUCTION

Comme dans la totalité du continent américain, les Amérindiens, premiers habitants de l'île de la Martinique (14°36'N, 61° 4'O) n'ont pas domestiqué le porc. Cette espèce animale a été seulement introduite sur le continent à partir du second voyage de Christophe Colomb, en 1493, et en Martinique, probablement à partir du 4<sup>ème</sup> voyage en 1502 (Rodero *et al.*, 1992). Par la suite, ces populations porcines d'origine ibérique introduite au XV<sup>e</sup> siècle ont donné naissance à un grand nombre de génotypes dans la région Amérique-Caraïbe, connues sous le nom de « Créole ». Quoique portant la même dénomination, les porcs Créole diffèrent entre territoires, car ils sont issus d'un mélange complexe avec des races d'origines diverses et fonction de l'histoire coloniale que chaque territoire du continent américain a connu entre le XV et le XIX<sup>e</sup> siècle (Naves *et al.*, 2011). Avant le développement de l'élevage intensif dans les années 70, le porc Créole de la Martinique a joué une place importante dans l'économie de subsistance de l'agriculture paysanne ou familiale (Barrau, 1978). De nos jours, la population porcine Créole est rare en raison de son remplacement par des génotypes améliorés sur des caractères de production et de reproduction et du développement des systèmes porcins intensifs.

Le Parc Naturel de la Martinique (PNM) a pour objectif de maintenir et de valoriser le patrimoine naturel de la Martinique. Dans cette optique, le PNM souhaite à moyen terme développer une niche économique avec le porc local. Pour ce faire, le PNM, en tant que maître d'ouvrage, a mis en place un programme partenarial avec différents acteurs du monde agricole et avec une approche holistique où chaque organisme apporte des compétences complémentaires : coordination du projet par le bureau d'étude Ruralité Multiservices, expertise technique et connaissances du territoire de la Chambre d'agriculture de Martinique, du PNM, de la coopérative porcine COOPMAR et expertise scientifique et technique de l'INRA (Gourdine *et al.*, 2016). Ce projet se décline en 4 grands axes : i) caractérisation génétique ; ii) expérimentation en alimentation ; iii) systèmes d'élevage ; iv) services écosystémiques. La finalité est de proposer un cahier des charges incluant des propositions en matière de schémas de conservation des porcs locaux et d'itinéraires techniques et technologiques débouchant à des produits à haute valeur ajoutée.

L'étude présente s'inscrit dans la première étape de caractérisation des porcs de Martinique. Selon l'expertise de terrain des agents du PNM, des porcs Créole féral vivent librement dans les montagnes du nord de l'île, sur la côte sud, ou capturés puis élevés dans des élevages traditionnels en milieu rural. Pour mieux apprécier la spécificité des porcs féral de la Martinique, il est important de caractériser génétiquement ces animaux. Notre étude se propose de décrire la structure génétique de la population porcine férale de la Martinique par comparaison avec les races porcines Créole connues de la région Amérique-Caraïbe (Burgos-Paz *et al.*, 2013) et les principales races européennes.

## 1. MATERIEL ET METHODES

### 1.1. Animaux

Une partie non négligeable de l'élevage porcine en Martinique reste dans le marché informel, loin de l'encadrement et des aides publiques. De ce fait, il a été nécessaire de procéder à

une enquête sur tout le territoire de la Martinique, afin d'identifier les éleveurs potentiellement détenteurs de porcs Créole. A la suite de ces enquêtes, un total de 67 porcs a été génotypé : sept porcs féral capturés, huit porcs semi-féral et 52 porcs d'élevage considérés de race Créole par leurs propriétaires (Figure 1).

### 1.2. Génotypage et contrôle qualité

Le génotypage des porcs a été effectuée, par le laboratoire LABOGENA, avec la puce porcine IlluminaSNP60, contenant 62 626 marqueurs (Ramos *et al.*, 2009). La carte génomique utilisée est la version *Sus Scrofa* Build 10.2. Le contrôle qualité des données de génotypage a été effectué avec le package GenABEL du logiciel R version 3.3.2 (Aulchenko *et al.*, 2007). Ont été écartées les données des marqueurs ayant plus de 5% de génotypes manquants dans la population et des marqueurs avec une fréquence de l'allèle mineure inférieure à 5%. Ainsi, à l'issue du contrôle qualité, nous avons conservé un total de 43 047 SNP pour les 67 animaux.

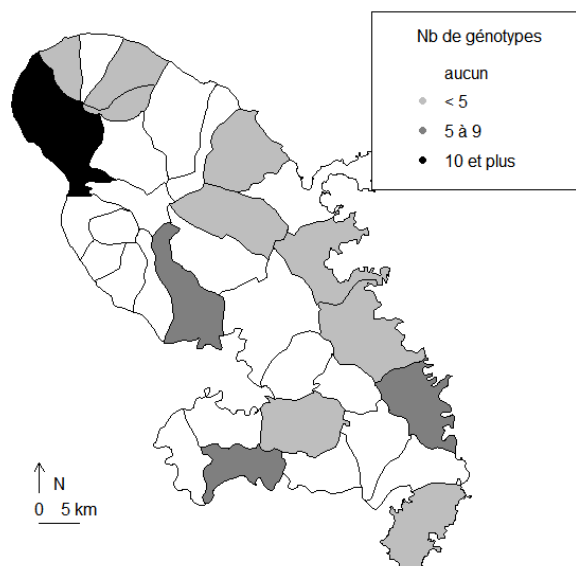


Figure 1 – Répartition géographique des porcs génotypés en Martinique

### 1.3. Analyses statistiques

Un positionnement multidimensionnel (MDS) a été réalisé à partir des distances génétiques en utilisant le package GenABEL du logiciel R version 3.3.2 (Aulchenko *et al.*, 2007). L'analyse MDS permet de visualiser les distances génétiques et les similarités génétiques entre les différents porcs prélevés en Martinique. La distance génétique entre deux individus a été calculée en s'appuyant sur les coefficients de parenté estimés à partir des fréquences alléliques en différents locus répartis sur les 18 autosomes.

Afin d'examiner les potentielles origines génétiques de ces porcs, un total de 451 génotypes de référence a été utilisé, à partir des 43 047 SNP retenues précédemment. Ces données proviennent de différentes sources : i) de l'étude de Burgos-Paz *et al.* (2013), réalisée sur un total de 369 génotypes de porcs de la région Amérique-Caraïbe et d'Europe, ii) de cinq porcs Créole de Guadeloupe issus de l'étude de Rose *et al.* (2017), iii) de six porcs considérés comme Créole de Guadeloupe issus des fermes familiales identifiées à partir des enquêtes réalisées par Gourdine *et al.* (2010) et Baudet *et al.*

(2015) et iv) de 62 génotypes Piétrain fournies par l'INRA UMR GenPhySE.

Le tableau 1 résume l'ensemble des génotypes porcins utilisés dans cette étude. Les coefficients d'ascendance ont été estimés avec la fonction *snmf* du package LEA du logiciel R (Frichot et Francois, 2015), en utilisant un nombre de « clusters » variant de 2 à 15. Le choix du nombre de clusters a été déterminé sur le critère de l'entropie croisée, basée sur la prédiction d'une fraction de génotypes masqués et la validation croisée.

**Tableau 1** – Origines des génotypes porcins utilisés

Régions	Nb. génotypes	Abréviation
Amérique du Nord <sup>1</sup>	32	USA
Amérique du Sud <sup>1,2</sup>		
Féral	16	Feral_A
Créole	122	Creole_AS
Brésil <sup>1</sup>	30	Bresil
Martinique <sup>3</sup>		
Féral	7	Feral_M
Semi-féral	8	Sferal_M
Familiale	37	Familiale_M
Professionnelle	15	Pro_M
Guadeloupe		
INRA <sup>4</sup>	5	INRA
Familiale <sup>3</sup>	10	Familiale_G
Europe		
Duroc <sup>1</sup>	20	Duroc
Hampshire <sup>1</sup>	14	Hampshire
Large White <sup>1</sup>	20	LW
Landrace <sup>1</sup>	20	LR
Ibérique <sup>1</sup>	16	Iberique
Piétrain <sup>5</sup>	62	Pietrain
Méditerranée <sup>1</sup>	22	Med
Sanglier <sup>1</sup>	14	Sanglier
Chinois <sup>1</sup>	58	Chinois

<sup>1</sup>Source: Burgos-Paz *et al.* (2013); <sup>2</sup>Source: Amérique du Sud sauf Brésil;

<sup>3</sup>Source: notre étude; <sup>4</sup>Source: Rose *et al.* (2017); <sup>5</sup>Source: INRA UMR GenPhySE.

## 2. RESULTATS ET DISCUSSION

### 2.1. Diversité génétique

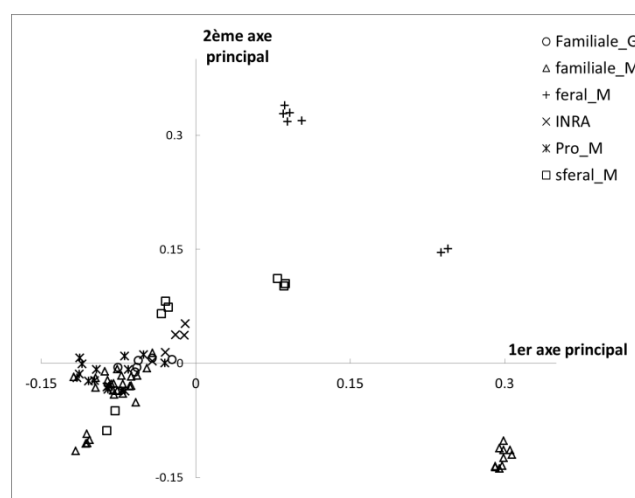
L'analyse MDS (Figure 2) montre que les animaux supposés de race Créole de Martinique correspondent à une diversité de génotypes. En effet, on peut distinguer, au moins sept groupes : deux groupes composés uniquement de porcs féral, un groupe composé uniquement de porcs semi-féraux, un groupe composé de porcs semi-féraux de Martinique et des porcs Créole de Guadeloupe sauvegardés par l'INRA, un groupe composé de porcs semi-féraux et de porcs provenant d'élevages familiaux et enfin un grand groupe composé de porcs d'élevages professionnels et familiaux. On constate que parmi ces groupes, la population porcine férale, une partie des animaux semi-féraux et une partie des porcs issus des élevages familiaux de Martinique sont clairement différenciées génétiquement du grand groupe. Les porcs Créole de l'INRA se situent dans une position intermédiaire entre le grand groupe et les animaux féral et semi-féraux.

### 2.2. Structure génétique

L'analyse de la structure génétique des différentes populations porcines étudiées a été réalisée avec un nombre variable de clusters (de 2 à 15).

Le critère de l'entropie croisée ne montre pas un plateau (Figure 3), indiquant que l'analyse détecte une structure génétique des populations étudiées plus fine que 15 origines ancestrales. Cela confirme les résultats obtenus par Burgos-Paz *et al.* (2013) qui montrent que la structure génétique des porcs des Amériques est extrêmement complexe.

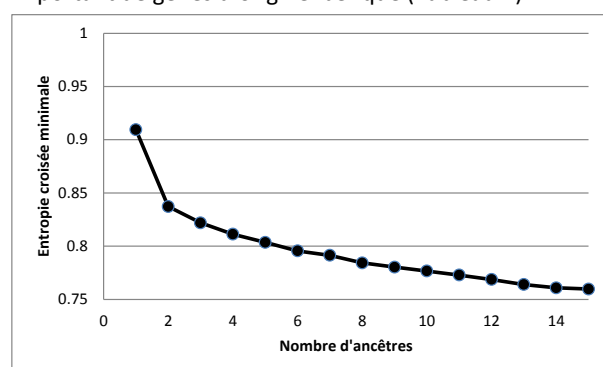
Néanmoins, nous avons choisi d'estimer les coefficients d'ascendance sur la base de huit origines (K=8). Sur cette base, les résultats montrent que pour un nombre K=8 de clusters, la structure génétique des races chinoises, ibérique, Duroc, Piétrain et dans une moindre mesure des Large White, Landrace et Hampshire sont homogènes. Nous avons donc utilisé ces races européennes et chinoises comme références, en émettant l'hypothèse que les porcs génotypés, et particulièrement, les porcs féral de Martinique sont un complexe mélange génétique de ces races de référence.



**Figure 2** – Distances génétiques entre les porcs génotypés de la Martinique et de la Guadeloupe<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Pour les abréviations : voir Tableau

Les estimations de la composition ancestrale des génotypes étudiés montrent que les porcs féral de Martinique, à l'image des populations porcines des Amériques possèdent un pool important de gènes d'origine ibérique (Tableau 2).



**Figure 3** – Graphique de l'entropie croisée pour les génotypes porcins étudiés avec un nombre maximal de cluster K=15

Cette composante ibérique est en moyenne plus importante que celle des porcs semi-féraux ou des porcs Créole de Guadeloupe sauvegardés par l'INRA. Sur la base de nos analyses et à l'image des porcs Créole des Amériques, la principale composante génétique des porcs féral de Martinique serait ibérique alors que celle des porcs Créole de Guadeloupe serait Large White et Landrace. Ces différences

pourraient être dues à des croisements plus fréquents entre porcs Créole et les autres races chez les porcs Créole élevés en ferme que chez les porcs féral.

L'analyse de la structure génétique des porcs de Martinique montre aussi que, contrairement aux dires et/ou aux croyances de certains éleveurs, la grande majorité des porcs issus des élevages familiaux et des élevages professionnels ont

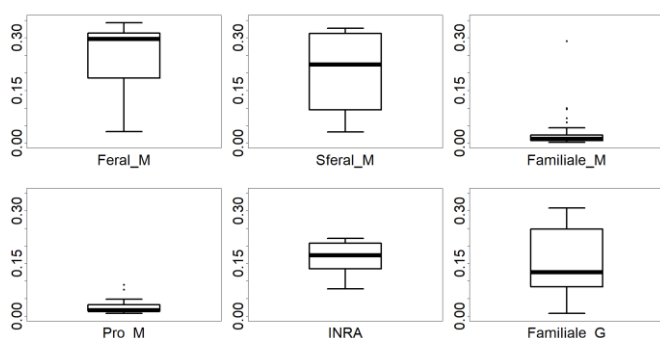
une part nulle ou faible d'origine ibérique. En effet, les porcs de Martinique qui ont été génotypés ont tous l'apparence de porcs Créole ou croisé Créole (robe à dominance noire ou grise cendrée, oreilles larges et inclinées vers l'avant et tombantes, présences possibles de pendeloques sous le cou) et ces animaux sont aux dires de leurs propriétaires des animaux de race Créole.

**Tableau 2** – Estimation de la composition des génotypes étudiés en utilisant les coefficients d'ascendance à partir de huit clusters

Régions	Ibérique	Large White	Landrace	Duroc	Piértrain	Hampshire	Chinois
Amérique du Nord <sup>1</sup>	0,26	0,09	0,14	0,03	0,04	0,39	0,05
Amérique du Sud <sup>1,2</sup>							
Féral	0,35	0,11	0,13	0,11	0,02	0,24	0,04
Créole	0,32	0,11	0,14	0,11	0,03	0,22	0,07
Brésil <sup>1</sup>	0,20	0,09	0,12	0,18	0,04	0,15	0,22
Martinique <sup>3</sup>							
Féral	0,24	0,13	0,15	0,04	0,11	0,18	0,15
Semi-féral	0,20	0,21	0,21	0,03	0,06	0,18	0,11
Familiale	0,03	0,30	0,28	0,12	0,14	0,08	0,05
Professionnelle	0,03	0,27	0,24	0,22	0,12	0,09	0,03
Guadeloupe							
INRA <sup>4</sup>	0,16	0,24	0,24	0,08	0,06	0,16	0,06
Familiale <sup>3</sup>	0,16	0,24	0,23	0,06	0,11	0,15	0,05
Europe							
Méditerranée <sup>1</sup>	0,23	0,24	0,24	0,03	0,03	0,20	0,03

<sup>1</sup>Source : Burgos-Paz *et al.* (2013); <sup>2</sup>Source: Amérique du Sud sauf Brésil; <sup>3</sup>Source: notre étude; <sup>4</sup>Source : Rose *et al.* (2017); <sup>5</sup>Source: INRA UMR GenPHYSE.

Nos estimations montrent que seulement deux animaux féral sur les sept animaux capturés ont une proportion génétique d'origine ibérique inférieure à 10 % (Figure 4). En revanche, l'héritage ibérique est quasi-nulle dans les élevages professionnels et familiaux en Martinique. En se basant sur l'indice de fixation ( $F_{st}$ ), un indice qui permet de mesurer la différenciation génétique des différentes races étudiées, un total de 6 121 SNPs les plus informatifs ( $P < 0,05$ ) ont été trouvés et permettent de vérifier l'origine Créole des animaux génotypés. Notre étude illustre donc l'intérêt des outils génomiques pour discriminer les animaux, en l'absence d'informations. En effet, sans livres généalogiques, les technologies génomiques, particulièrement les puces SNP pangénomiques, permettent de distinguer les porcs d'apparence Créole (« Creole-like ») des animaux Créole (« Creole-real », c'est-à-dire à forte composante génétique ibérique).



**Figure 4** – Représentation de la variabilité de la composante génétique ibérique dans six populations porcines étudiées<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Pour les abréviations, voir Tableau 1

Cette distinction est d'autant plus importante que le PNM a pour objectif de développer un marché de niche pour valoriser le porc Créole de Martinique.

Nos analyses suggèrent une contribution non négligeable du matériel génétique porcine chinois dans le mélange génétique des porcs féral ou semi-féral de Martinique (9 à 15 %). Cela

pourrait être dû à i) une introgression chinoise indirecte via l'apport des gènes chinois dans les races européennes pour améliorer la prolificité; ii) une introgression directe via l'importation plus ou moins récente de génotypes chinois sur le territoire martiniquais; iii) une surestimation de la composante génétique chinoise dans nos analyses. Burgos-Paz *et al.* (2013) montrent par simulation que contrairement à l'apport ibérique, l'apport génétique chinois dans le patrimoine génétique des porcs Créole est surestimé avec une analyse de structure génétique non-supervisée par rapport à une analyse supervisée, où certains génotypes sont fixés et sont admis comme des ancêtres connus. Notre étude a été réalisée avec une analyse non supervisée, le package LEA ne permettant pas de réaliser des analyses supervisées. Par conséquent, on peut penser que la contribution génétique chinoise dans le pool génétique des porcs féral et semi-féral de Martinique a été surévaluée dans nos analyses.

## CONCLUSION

Les résultats de cette étude, préalable pour la conservation et la valorisation du patrimoine porcine de Martinique, montrent que les porcs féral et semi-féral de Martinique possèdent une structure génétique comparable aux races Créole des Amériques, caractérisées par une forte proportion d'héritage génétique ibérique. Par conséquent, l'originalité génétique de ces animaux, qui se sont adaptés aux conditions naturelles de Martinique, milite pour la poursuite du projet, en direction de la conservation et de la valorisation de ce patrimoine via le développement d'un marché de niche.

Nos résultats sont aussi une illustration du proverbe « l'habit ne fait pas le moine » ou comment les marqueurs génétiques sont des outils efficaces, permettant de discriminer sans *a priori* les individus, de vérifier leurs origines et d'éviter la confusion entre « les animaux « Creole-like » des porcs « Creole-real ».

Il conviendra pour la suite de proposer des schémas de conservation permettant de limiter le taux de consanguinité.

## REMERCIEMENTS

Le financement de ce projet a été fourni par le Parc Naturel de la Martinique avec le soutien de la Collectivité Territoriale de Martinique. Le soutien financier provenait également de l'Etat, de la Région Guadeloupe et du FEDER. Ces résultats

ont été aussi obtenus grâce aux collections conservées au CRB « Production et Santé Animales » et aux génotypes mises à disposition par l'UMR GenPhySE de Toulouse. Les auteurs remercient J. Riquet et Y. Labrune (GenPhySE) pour leurs conseils et les données génomiques mises à notre disposition et la collaboration de B. Bocage et D. Beramice (PTEA).

## REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Aulchenko Y.S., Ripke S., Isaacs A., Van Duijn C.M., 2007. GenABEL: an R library for genome-wide association analysis. *Bioinformatics*, 23, 1294-1296.
- Baudet M., Archimede H., Giorgi M., Beramice D., Bructer M., Gourdine J.L., 2015. Effet de la conduite d'élevage et du type génétique sur les performances du porc à l'engraissement élevé en milieu tropical humide. *Journées Rech. Porcine*, 47, 253-254.
- Burgos-Paz W., Souza C.A., Megens H.J., Ramayo-Caldas Y., Melo M., Lemus-Flores C., Caal E., Soto H.W., Martinez R., Alvarez L.A., Aguirre L., Iniguez V., Revidatti M.A., Martinez-Lopez O.R., Llambi S., Esteve-Codina A., Rodriguez M.C., Crooijmans R.P.M.A., Paiva S.R., Schook L.B., Groenen M.A.M., Perez-Enciso M., 2013. Porcine colonization of the Americas: a 60k SNP story. *Heredity*, 110, 321-330.
- Frichot E., Francois O., 2015. LEA: An R package for landscape and ecological association studies. *Methods in Ecology and Evolution*, 6, 925-929.
- Gourdine J.-L., Lof A., Brithmer R., Hoche-Balustre S., Servier M.-F., Bructer M., Benony K., Limery A., Cyrille M., Vertueux-Degras C., Gauthier V., Fahrasmene L., Archimede H., Alexandre G., 2016. Research framework for the development of Creole pig's niche market in Martinique: a holistic approach. *Proc. Conference "Caribbean Food Crops Society 52th Annual Meeting"*, Gosier, Guadeloupe, pp. 4.
- Gourdine J.L., Lebrun A., Silou F., 2010. Investigaciones para evaluar diversidad en cerdos criollos de Guadeloupe. *Revista Computadorizada de Produccion Porcina*, 17, 129-132.
- Naves M., Mandonnet N., Alexandre G., Mahieu M., Gourdine J.L., 2011. Les races animales locales : bases du développement innovant et durable de l'élevage aux Antilles. *Proc. Conference "CIAG. Carrefours de l'innovation."*, Guadeloupe-Martinique, pp. 193-205.
- Ramos A.M., Crooijmans R., Affara N.A., Amaral A.J., Archibald A.L., Beever J.E., Bendixen C., Churcher C., Clark R., Dehais P., Hansen M.S., Hedegaard J., Hu Z.L., Kerstens H.H., Law A.S., Megens H.J., Milan D., Nonneman D.J., Rohrer G.A., Rothschild M.F., Smith T.P.L., Schnabel R.D., Van Tassel C.P., Taylor J.F., Wiedmann R.T., Schook L.B., Groenen M.A.M., 2009. Design of a High Density SNP Genotyping Assay in the Pig Using SNPs Identified and Characterized by Next Generation Sequencing Technology. *Plos One*, 4, e6524.
- Rodero A., Delgado J.V., Rodero E., Inst Z., 1992. Primitive Andalusian livestock and their implications in the discovery of America. *Archivos de zootecnia*, 41, 383-400.
- Rose R., Gilbert H., Loyau T., Giorgi M., Billon Y., Riquet J., Renaudeau D., Gourdine J.L., 2017. Interactions between sire family and production environment (temperate vs. tropical) on performance and thermoregulation responses in growing pigs. *J. Anim. Sci.*, 95, 4738-4751.

