

Diversité génétique du porc local du Togo : cas de la région maritime et de la région des Savanes

Koffi G. SOMENUTSE (1, 2), Mawuli K. AZIADEKEY (2), Guiguigbazan K. DAYO (3), Abalo E. KULO (2)

(1) Institut Togolais de Recherche Agronomique, BP 1163, Lomé, Togo

(2) Ecole Supérieure d'Agronomie, Université de Lomé, BP 1515, Lomé, Togo

(3) Centre International de Recherche-Développement sur l'Élevage en zone Subhumide, BP 454, Bobo Dioulasso, Burkina Faso

eddie_som@yahoo.fr

Genetic variation in the local pig of Togo: case study of the Maritime and Savanes regions

Local pig farming in Togo is mainly extensive and uses few inputs. To develop the basis to assess the genetic diversity of the local pig population, a survey was performed in the Maritime and Savanes regions of Togo. The diversity within the local pig population was estimated for the first time from 250 blood samples that were collected from 75 farms in both regions. Molecular analyses of 176 DNA samples were performed in Cirdes genotyping laboratories in Burkina Faso. For this study, 15 microsatellite markers were used by referring to the FAO/ISAG list. The allele sizes for these samples ranged from 107-290 base pairs, 20% of which were odd. The mean number of alleles on all markers was 9.5 ± 1.0 ; the lowest was 3 alleles from locus So 227, while the highest was 25 alleles from locus So 005. The smallest genetic distance ($GD = 0.067$) was observed between pig populations from the Lacs and Yoto districts. Thus, these pig populations are very close, while those from Tône and Golfe districts were the furthest from each other ($GD = 0.170$). The allelic richness varied from 1.48 ± 0.21 to 1.64 ± 0.23 . The morphological differences observed within the two regions are thus confirmed by the molecular results. Further studies are recommended to identify the true origins of these local populations and the periods when the crosses occurred.

INTRODUCTION

Les études sur la diversité des espèces d'animaux d'élevage, dont le porc, ont souvent été effectuées en utilisant un nombre limité de populations et/ou un nombre limité de marqueurs génétiques. Au Togo, une grande diversité de populations porcines, constituée de porcs locaux, de Landrace, de Large white, de Piétrain et des produits de divers croisements est rencontrée sur le territoire. Cependant, aucune information sur la diversité génétique des populations locales n'est disponible. Ce travail a été conduit dans le but d'évaluer la diversité génétique de ces populations porcines locales.

1. MATERIEL ET METHODES

Une enquête prospective a été menée dans deux régions du Togo (Maritime et Savanes) auprès de 497 éleveurs de porc local. Des critères (11 au total) ont été élaborés mais quatre ont été jugés indispensables pour la sélection des exploitations qui doivent être prises en compte pour la phase moléculaire. Il s'agit de : i) le nombre d'années d'expérience en élevage de porc local (plus de 5 ans) ; ii) l'utilisation de porcheries (pour éviter la divagation) ; iii) la taille du troupeau (pas moins de 10 sujets) et iv) l'accord préalable de prélèvement de sang de certains sujets (aux fins de caractérisation). Sur la base de ces critères, 75 élevages ont été sélectionnés sur 497. Un nombre total de 250 échantillons de sang a été prélevé au niveau de la veine jugulaire ou dans la veine auriculaire sur quatre sujets

dans chacun des 75 élevages (un couple et deux derniers descendants). L'ADN génomique de tous les échantillons de sang a été extrait en utilisant un kit commercial Promega (Wizard Genomic DNA Purification Kit) au laboratoire de génotypage du Cirdes (Burkina Faso) en se basant sur un protocole d'extraction réadapté et dosé à l'aide d'un spectrophotomètre (NANODROP ThermoFischer Scientific). Au total, 176 échantillons ayant une concentration de 20 ng/ μ L au moins ont été retenus pour la suite des manipulations. Il s'agit des échantillons des préfectures d'Avé (11), Golfe (10), Lacs-Bas Mono (21), Vo (29), Yoto (16), Zio_Nord (10) et Zio_Sud (10) pour la région Maritime (107 échantillons au total) et des préfectures de Kpendjal (32), Oti (14) et Tône (23) (69 échantillons au total) pour la région des Savanes (Figure 1). Les réactions de polymérisation de chaîne (PCR) ont été effectuées dans un volume réactionnel de 15 μ L. Un ensemble de 15 microsatellites du panel de marqueurs microsatellites recommandés par l'ISAG-FAO (www.fao.org/dad-is/) a été utilisé. Les produits amplifiés ont été migrés sur des gels d'urée-acrylamide 6,5% pendant 1h30 à 1500 volts dans un séquenceur automatique Li-Cor® (DNA Analyzer Model 4300). Tous les profils électrophorétiques obtenus ont été analysés à l'aide du logiciel SAGA GT Generation 2.0.

La diversité génétique a été évaluée avec le logiciel GENETIX Version 3.3 et le logiciel FSTAT version 2.9.3. Les paramètres nombre d'allèles par locus (N_a), nombre réel d'allèles (N_e), richesse allélique (AR), hétérozygotie observée (H_o),

hétérozygotie attendue (H_e) ont été évalués. Le déficit en hétérozygotes, l'excès relatif en hétérozygotes et l'indice de fixation ont été estimés. Le déséquilibre de liaison entre les paires de loci a été vérifié et la valeur de p a été corrigée par la méthode de Bonferroni. La détection des allèles nuls a été effectuée à l'aide du logiciel MicroChecker. Le logiciel STRUCTURE (Falush *et al.*, 2003) a été utilisé pour évaluer la structuration génétique des différentes populations. Dans la présente étude, le nombre possible d'allèles a varié de 2 à 8.

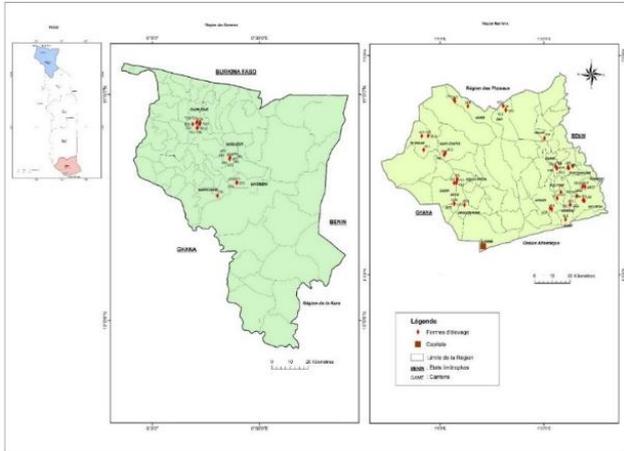


Figure 1 - Zone d'étude

2. RESULTATS ET DISCUSSION

Le nombre moyen d'allèles (N_a) était de $9,5 \pm 1,0$ dont le plus faible au locus So 227 (3 allèles) et le plus élevé (25 allèles) au locus So 005. Un seul locus (So 355) présentait des allèles nuls. Les loci étaient tous polymorphes sur la population totale. La fréquence allélique la plus élevée est affichée sur le locus So 005 et principalement dans la population de la préfecture de Vo.

La richesse allélique a varié de 1 à 2 au sein des élevages. Bataillon *et al.* (1996) ont montré que les mesures de la diversité génétique fondées sur la richesse allélique se sont avérées efficaces et sont considérées comme importantes pour maximiser le nombre d'allèles conservés. La richesse allélique est pertinente dans une perspective à long terme, car les limites de sélection sont déterminées par la composition d'allèle initiale plutôt que par l'hétérozygotie (Petit *et al.*, 1998). Les populations porcines des Lacs et de Yoto sont les plus proches au niveau de la région maritime ($DA=0,067$). Ceci pourrait s'expliquer par les échanges d'animaux au sein de ces deux préfectures à cause, d'une part, de la promiscuité et, d'autre part, des liens de parenté qui existent entre les éleveurs des deux zones. Au sein de la région des Savanes, les populations porcines de Tone sont proches de celles de Kpendjal

($DA=0,034$). La distance la plus grande a été observée entre les animaux de la préfecture du Golfe et ceux de Tone ($DA=0,170$) car les échanges d'animaux entre ces deux zones, bien éloignées, semblent irréalisables : les peuples et les cultures sont différents.

Selon l'approche bayésienne de regroupement *a posteriori*, les populations des préfectures de Avé, Golfe, Vo et Zio_nord au sein de la région Maritime sont plus hétérogènes. Par contre, dans la région des Savanes, les populations porcines des préfectures de Kpendjal et de Tone semblent plus homogènes. L'hétérozygotie attendue $0,48 \leq H_e \leq 0,64$ et l'hétérozygotie observée $0,41 \leq H_o \leq 0,54$ sont inclus dans l'intervalle obtenu par San Cristobal *et al.* (2006), soit entre 0,43 et 0,68. Ceci signifierait que le taux de croisements consanguins au sein des populations étudiées a été important. Les indices de fixation des populations de porc local (0,04 à 0,21) confirment une variabilité effective au sein des populations locales de porcs : la couleur de la robe est variable avec la présence plus remarquée du noir. De même, le format typique est de petite taille, mais les croisements réalisés dans un but d'amélioration ont abouti à des tailles intermédiaires. La différence de taille et de couleur de robe observée entre les animaux de la région Maritime comparativement à ceux des Savanes est confirmée par la diversité dans la constitution moléculaire. Au plan morphologique, les individus retrouvés au sein de la population de Vo présentent majoritairement les traits caractéristiques relatifs à la race locale de couleur de robe noire et de petite taille. En effet, la préfecture de Vo a été longtemps considérée comme étant le berceau du porc local noir du Togo, grâce aux principales caractéristiques (petite taille, robe noire) qui sont retrouvées au sein des élevages. Ces observations pourraient être liées i) aux échanges limités de reproducteurs entre les deux régions ; ii) aux différences agroécologiques des deux régions ; iii) aux différences des modes de conduite de l'élevage dans les deux régions. Selon De Meeüs (2012) ces facteurs sont des facteurs clés dans l'évolution de la structure génétique des populations.

CONCLUSION

Au Togo, l'analyse moléculaire des porcs de races locales a montré une différence réelle entre les populations de la Région Maritime et celles de la Région des Savanes. Il est observé des relations de proximité entre les populations de porcs de la région Maritime d'une part et entre celles de la région des Savanes d'autre part avec des interpénétrations. Ceci est la cause de la forte diversité intra et inter-populations de porcs rencontrées sur le territoire. Les résultats de cette étude constituent une base pour des travaux plus approfondis pour la valorisation durable de ces populations et pour contribuer à l'évaluation de la différenciation de ces populations.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Bataillon T.M., David J.L., Schoen D.J., 1996. Neutral Genetic Markers and Conservation Genetics: Simulated Germplasm Collections. *Genetics*, 144, 409-417.
- De Meeüs T., 2011. Initiation à la génétique des populations naturelles. Application aux parasites et à leurs vecteurs. IRD Editions. Collection Didactiques. 338 p.
- Falush D., Stephens M., Pritchard J.K., 2003. Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics*, 164, 1567-1587.
- Petit R J, Mousadik A E, Pons O. 1998. Identifying populations for conservation on the basis of genetic marker. *Conserv. biol.*, 12, 844-855.
- SanCristobal M, Chevalet C, Haley C S, Joosten R, Rattink A P, B. Harlizius, M. A. M. Groenen et al., 2006. An important prerequisite for a conservation programme is a comprehensive description of genetic diversity *Animal Genetics*, 37, 189-198.