

68603

LE POLYMORPHISME DU SYSTÈME MAJEUR D'HISTOCOMPATIBILITÉ SLA DANS PLUSIEURS RACES PORCINES EN FRANCE

Christine RENARD (1), M. LUQUET (2), P. GOULLIEUX (3), M. VAIMAN (4)

(1) I.N.R.A., Laboratoire de Radiobiologie Appliquée - 78350 JOUY-EN-JOSAS

(2) I.T.P. 149, rue de Bercy - 75595 PARIS Cedex 12

(3) I.T.P., Région Nord - Station de Sélection Porcine - 27, rue de Bapaume - LE TRANSLOY - 62450 BAPAUME

(4) Commissariat à l'Energie Atomique - DPS-SPE-LRA - 91191 GIF-SUR-YVETTE

Avec la collaboration de Noëlle BOURGEOUX (1), J.J. LEPLAT (1) et M. BOUBY

(Station I.T.P. de Villefranche-de-Rouergue)

L'ITP et l'INRA ont entrepris de maintenir certaines races de « porcs de pays », intéressantes pour leur rusticité et leur qualité gustative (TEXIER *et al.*, 1984). Cependant, dans les petites populations, la perte du matériel génétique peut être rapide (de ROCHAMBEAU *et al.*, 1984). Aussi nous a-t-il semblé important de suivre l'évolution de ces races à l'aide de gènes marqueurs tels que ceux du complexe majeur d'histocompatibilité nommé SLA.

Testé depuis 1970, ce système génétique est bien connu dans les races porcines améliorées. Les allèles sont nombreux, faciles à identifier sur les lymphocytes du sang. Ils sont soumis à la dérive génétique comme le reste du génome. Le nombre d'allèles du système génétique SLA et l'évolution de leur fréquence au cours des générations sont donc de bons indicateurs de l'éventuelle perte génomique.

En outre, nous avons observé des associations ponctuelles entre certains allèles du système génétique SLA et quelques critères de production (CAPY *et al.*, 1981) ou de reproduction (RENARD *et al.*, 1985). Il était donc intéressant de comparer les allèles SLA des races améliorées, soumises à de fortes pressions de sélection, à ceux des races de pays.

En troisième lieu, nous avons tenté de retracer l'histoire de plusieurs races de porcs, en comparant les groupes d'allèles SLA d'une race à l'autre. Le système génétique SLA du porc est l'analogue du HLA de l'homme et plusieurs auteurs dont DEGOS et DAUSSET (1974, 1975) ont retracé l'histoire des migrations humaines par l'analyse des fréquences des allèles ou des groupes de pseudo-allèles du système HLA dans différentes parties du monde. Nous avons donc commencé une analyse similaire des races porcines à l'échelle de la France.

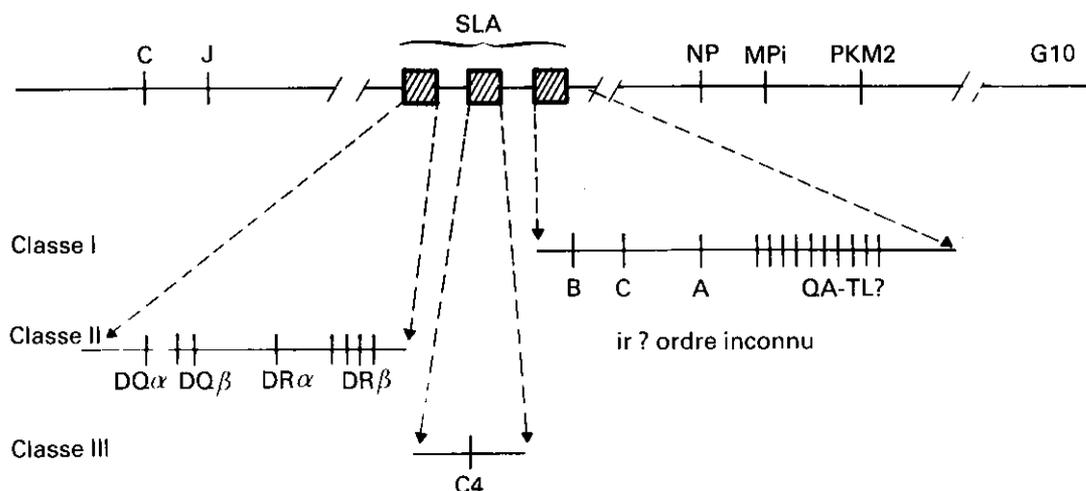
I - RAPPEL DE LA STRUCTURE GÉNÉTIQUE DU SYSTÈME GÉNÉTIQUE SLA

La structure de base du complexe génétique SLA, homologue du HLA humain, se compose de 3 groupes de gènes appelés classe I, classe II et classe III (figure 1).

1) Les gènes de classe I

Les molécules de classe I sont codées au moins par trois loci liés nommés A, B, C. Ces molécules possèdent des sites antigéniques propres aux différents allèles, ce qui permet de les identifier par un test de lymphocytotoxicité. Ce sont des protéines membranaires présentes sur les cellules de tous les tissus sauf sur les globules rouges. Les réactifs qui reconnaissent les antigènes SLA sont des antisérums produits par greffe de peau entre porcelets frères différant par un ou plusieurs

FIGURE 1
CHROMOSOME 7 DU PORC



allèles. Un travail d'analyse sérologique et de purification des réactifs a été effectué au cours de plusieurs années. Actuellement une centaine d'immunosérums définissent 35 spécificités correspondant à autant d'allèles répartis dans les 3 séries contrôlés par les trois loci.

2) Les gènes de classe II

Les molécules dites de classe II sont contrôlées par une région nommée D-Dr qui est très liée à la région de classe I. Le polymorphisme des produits des gènes D-Dr est mis en évidence à l'aide de deux techniques : la culture mixte de lymphocytes et le test de lymphocytotoxicité sur les lymphocytes B. Jusqu'à présent, nous pouvons reconnaître 10 allèles pour D et 8 allèles pour Dr.

Les gènes du complexe sont étroitement liés. Aussi les allèles correspondant aux différents loci ségrègent-ils ensemble dans les familles. Ces associations particulières sont nommées haplotypes. Une fraction seulement des combinaisons théoriques possibles a été observée (entre A, B et C). Ceci est dû à un déséquilibre de liaison très important (ou forte association gamétique) qui existe entre certaines formes alléliques. Dans le tableau 1, un numéro de code a été attribué à ces groupes particuliers, par ordre de fréquence et d'observation dans les races améliorées. Les 8 derniers codes ont été attribués aux groupes de caractères observés dans les races de pays.

Ces spécificités sont cependant distinctes car nous avons observé des recombinaisons : 2 entre A et B, 9 entre B et D-Dr (VAIMAN *et al.*, 1979).

Le complexe majeur d'histocompatibilité joue un rôle essentiel dans la réponse immunitaire : celle-ci n'a pas encore été testée sur le porc d'une façon générale, à l'exception des greffes d'organes. Nous avons cependant mis en évidence un gène de réponse immune au lysozyme de poule associé à SLA (VAIMAN *et al.*, 1978 b).

3) Les gènes de classe III

Ils codent pour des protéines présentes dans le sérum des individus qui jouent un rôle important dans la réponse immune générale. Ce sont certains composants du complément (VAIMAN *et al.*, 1978 a). On les étudie actuellement par des techniques de biologie moléculaire (KIRSZENBAUM *et al.*, 1985).

TABLEAU 1
PRINCIPAUX HAPLOTYPES SLA

CODE N°	LOCI			CODE N°	LOCI			CODE N°	LOCI		
	A	C	B		A	C	B		A	C	B
1	15	1	18	21	20	2	11	41	23		
2	10	14		22	20-8	14		42		29	4
3	20	2	23	23	26			43	15	1	
4	13	9		24			22	44	20-7	2	11
5		5	21	25	20-8	2		45	10		
6	20	5	4	26	13	19	6	46	20-7	12	
7	20-8	2	11	27		5	11	47			3
8	17			28	13		6	48	8		31
9		5	4	29	13			49	20-8	1	
10	33	12		30		9		50		1	
11	20-7	2		31	8	16	11	51		5-14	11
12	13	1	3	32			18	52		1	3
13	13		3	33		1	18	53	13	9	6
14	33	16	11	34	15	1	23	54	20		
15	25			35	8	9		55	13	9	3
16	13		19	36		5-14		56		5	6
17			19	37	27			57	20-7		23
18		5		38	33	28		58	20	14	23
19			6	39	17	16					
20	24	2	11	40	SB						

4) Localisation du système génétique SLA sur le chromosome 7 du porc

Par différentes techniques, nous avons localisé le complexe SLA sur le chromosome 7 du porc (GEFFROTIN *et al.*, 1984). Sa localisation fine reste à préciser. Les techniques utilisées ont été l'hybridation *in situ* à l'aide d'une sonde cDNA humaine radioactive, un test sérologique SLA d'animaux porteurs et non porteurs de chromosomes transloqués 7-3 et dernièrement l'hybridation de la sonde HLA sur des chromosomes triés par la technique du « cell sorter ».

5) Autres groupes de liaison associés au complexe SLA ou présents sur le chromosome 7

Pour être complets, nous devons ajouter les résultats obtenus par HRUBAN *et al.* (1976) décrivant une liaison entre le complexe SLA et les groupes sanguins C et J. Sur ce même chromosome, DOLF (1984) a démontré la présence de gènes contrôlant l'expression de 2 enzymes : Nucléoside phosphorylase, Mannose Phosphate Isomerase. Enfin, dernièrement LIE (sous presse) a mis en évidence une association entre SLA et des différences quantitatives de l'enzyme Glyoxalase (Glo), suggérant que Glo pourrait être également sur le chromosome 7.

RASMUSEN (1982) a décrit une liaison de 42 % de recombinaisons entre H et J ou C, qui pouvait impliquer une association entre SLA et le groupe de liaison Phi-Hal-H-Pgd. mais dans une étude récente réalisée en collaboration avec G. GUERIN (sous presse), nous avons trouvé que les groupes « Phi-Pgd » et SLA segrégeaient apparemment de façon indépendante.

II - POLYMORPHISME DU COMPLEXE SLA DANS LES RACES AMÉLIORÉES

1) Matériel animal

Nous avons testé les allèles du système SLA sur le sang d'animaux prélevés dans les stations de sélection et dans des familles de porcs achetés chez des éleveurs de la moitié Nord de la France entre 1972 et 1980. Ultérieurement, nous avons étudié le système SLA dans plusieurs troupeaux de l'INRA.

L'étude présentée ici concerne le 1^{er} groupe d'animaux. Ils appartiennent aux 4 races améliorées : Large White (538 animaux), Landrace Français (212), Landrace Belge (102), Piétrain (80).

De plus, nous avons des informations sur le système SLA de porcs de 6 pays européens, du Japon et des Etats-Unis, grâce à la collaboration avec d'autres équipes travaillant dans ces différents pays.

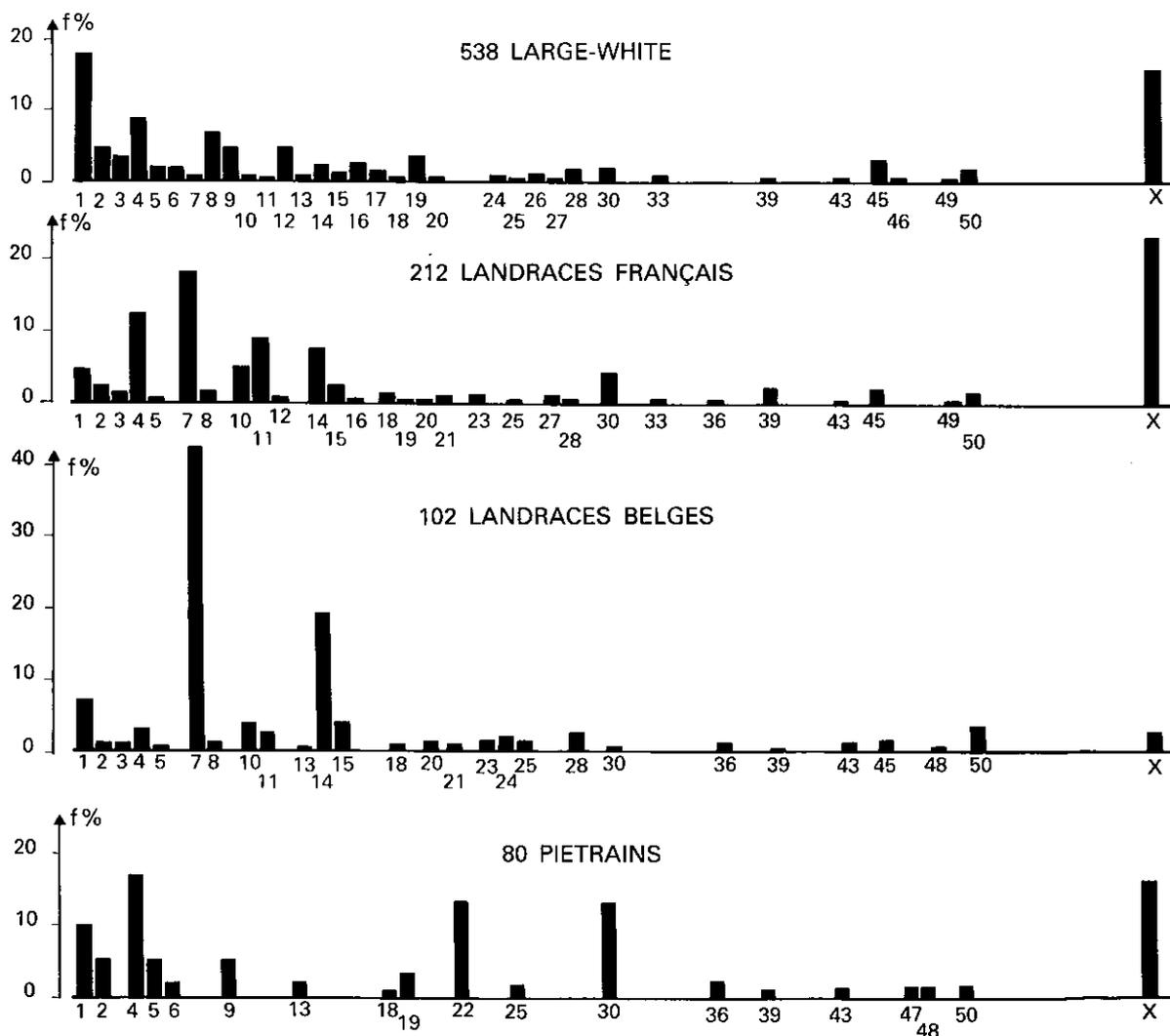
2) Résultats et discussion

a) Polymorphisme et fréquence des haplotypes SLA par race

Le polymorphisme du système est très élevé. La plupart des porcs sont hétérozygotes et différents entre eux. Cependant, à l'intérieur d'une race, le nombre d'haplotypes est plus restreint avec des fréquences élevées pour certains (figure 2).

Les races sont caractérisées par l'existence de 4 à 7 haplotypes plus fréquents que les autres, avec possibilité d'homozygotie pour ces groupes de caractères. Certains haplotypes ne sont présents que dans une race et sont utiles pour détecter les mélanges entre races.

FIGURE 2
FRÉQUENCE DES DIFFÉRENTS HAPLOTYPES SLA DANS LES RACES AMÉLIORÉES



Si l'on calcule le déséquilibre de liaison qui existe au sein de ces différents haplotypes, il est très proche du déséquilibre absolu pour le ou les haplotype(s) les plus fréquents de la race (tableau 2). Il en est ainsi entre les spécificités 15-1-18 de l'haplotypes codé (01) chez le Large White, 8-2-11 (07) dans les 2 races Landrace, 16-11 (14) chez le Landrace Belge, 8-14 (22) chez le Piétrain. Cet état de fait peut s'expliquer par un effet fondateur, l'histoire régionale de la race mais aussi par un effet de la sélection sur des gènes associés au système génétique SLA, effets non exclusifs les uns des autres. Nous avons essayé de définir l'importance relative de ces différents facteurs en étudiant l'évolution du polymorphisme et des fréquences des caractères SLA au cours du temps.

TABEAU 2
EXEMPLE D'ASSOCIATION GAMÉTIQUE DANS LES QUATRE RACES DE PORCS AMÉLIORÉES

HAPLOTYPE SLA			FRÉQUENCE DES HAPLOTYPES DANS 4 RACES			
A	C	B	LW	P	LF	LB
15	1	18	0,177 (1)	0,099	0,036	0,066
15	1		0,001	0,006	0,002	0,009
	1	18	0,005	0	0,002	0
	1		0,014	0	0,021	0,035
8	2	11	0,009	0	0,181 (2)	0,423 (3)
8	2		0,001	0,012	0,004	0,014
8	14		0,002	0,134 (4)	0	0
7	2		0,002	0	0,086	0,030
	16	11	0,020	0	0,068	0,189 (5)

Valeur du déséquilibre de liaison entre A-C, C-B, A-B (1) 1,0 0,98 0,99
(2) 0,96 0,93 0,39
(3) 0,80 1,0 0,84
(4) 0,73

b) Evolution des fréquences des haplotypes SLA au cours du temps

On constate que la fréquence de plusieurs haplotypes SLA, présents dans une race comme le Large White, varie au cours du temps.

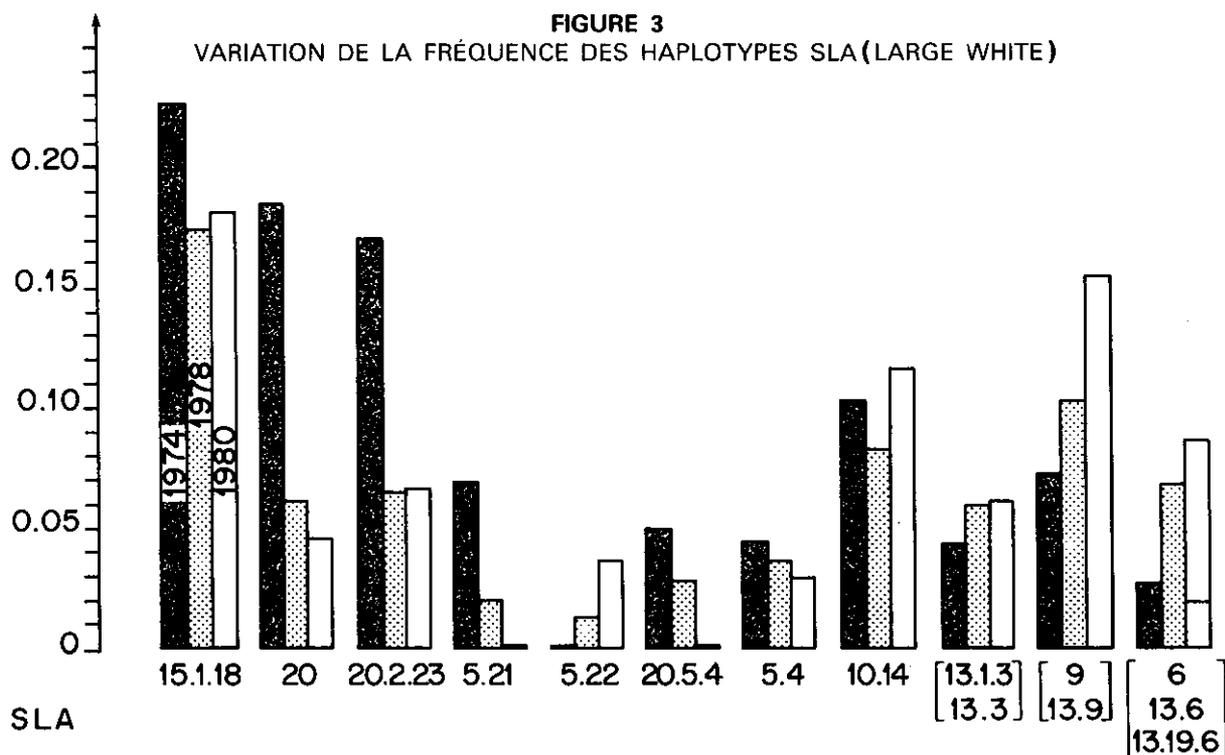
- Sachant que l'introduction de reproducteurs anglais et néerlandais était importante à cette époque, nous nous sommes demandé dans quelle mesure ces croisements jouaient sur la fréquence des haplotypes. Après vérification des ascendants, l'accroissement de fréquence du groupe d'haplotypes 13-6, 13-19-6, 6 correspondait bien à l'introduction de reproducteurs anglais.
- Cette modification de fréquence serait-elle liée à une pression de sélection ? Cela pourrait être le cas pour l'haplotype SLA 20-5-4, qui a tendance à disparaître au cours des générations. Celui-ci est en effet associé à des performances de croissance défavorables. Ceci a été montré par une analyse de variance effectuée sur les données relatives au groupe d'animaux testés entre 1976 et 1978 (CAPY *et al.*, 1981). Nous n'avons pas pu vérifier cette association en 1980 car l'haplotype avait quasiment disparu (figure 3). Par contre, dans la même étude, l'haplotype SLA 13-1-3 est associé à une épaisseur de lard dorsal supérieure, or sa fréquence évolue peu. Cela correspond au résultat d'un « effet balancé » de la sélection sur un autre critère (HEDRICK et THOMSON, 1983). En effet cet haplotype est associé à une taille plus grande du porcelet à la naissance et au sevrage dans le troupeau Large White du Domaine de Galle testé dernièrement (ROTHSCHILD *et al.*, sous presse). Ceci illustre bien les limites de l'utilisation des gènes marqueurs ou même des gènes à effet quantitatif direct dans les expériences de sélection. Dans la race Landrace Français, nous avons observé un phénomène analogue : l'haplotype SLA 15-1-18 est associé à une épaisseur de lard supérieure chez les animaux testés en 1976-1978 et 1980 (figure 4). Il est 5 fois moins fréquent en 1980 qu'en 1972. Par contre, l'haplotype SLA 16-11 associé à une plus faible épaisseur de lard est 2 fois plus fréquent dans la dernière bande testée.

TABEAU 3
FRÉQUENCE RELATIVE DES HAPLOTYPES COMMUNS ET PARTICULIERS
DANS LES RACES DE PORCS AMÉLIORÉES

HAPLOTYPES	Duroc danois	LW français	LW danois	P	LB	LF	Lendrace danois
Communs à tous	0,59	0,37	0,30	0,45	0,11	0,22	0,04
Communs LW-P	0	0,13	0,20	0,17	0,01	0,01	0,01
Communs LF-LB	0	0,06	0,05	0,02	0,71	0,41	0,58
Propres au LW	0,02	0,23	0,16	0	0,02	0,03	0,05
Propres au P	0	0	0	0,15	0,01	0	0
Propres au LB	0	0,01	0	0,01	0,07	0,01	0
Propres au LF	0	0,02	0	0	0	0,06	0
Propres au LD	0	0	0	0	0	0	0,13
Propres au D	0,06	0	0	0	0	0	0
Très rares	0	0,04	0,06	0,04	0,04	0,03	0,02
Inconnus	0,33	0,14	0,23	0,16	0,01	0,23	0,17

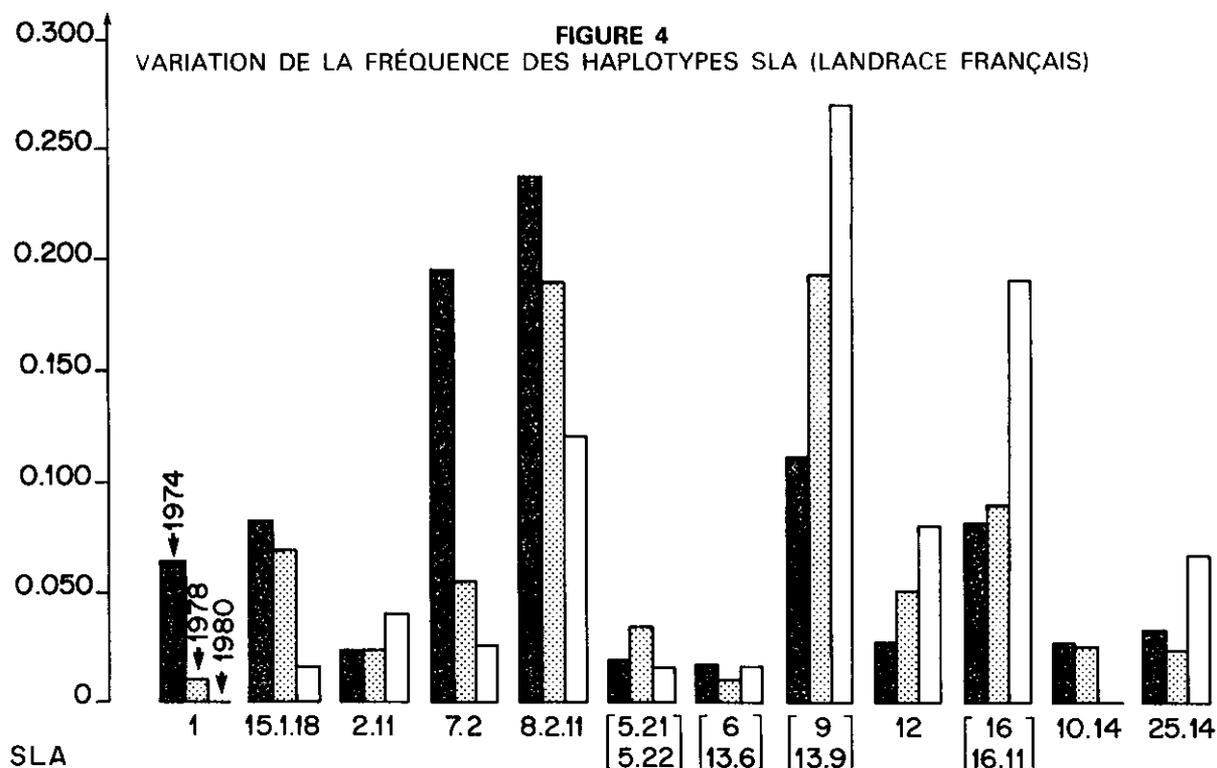
Si les critères de sélection changent, il est important de maintenir une variabilité génétique représentant une réserve d'allèles pouvant devenir intéressants pour d'autres critères de sélection.

FIGURE 3
VARIATION DE LA FRÉQUENCE DES HAPLOTYPES SLA (LARGE WHITE)



EFFETS SIGNIFICATIFS OBSERVÉS LORS DE L'ANALYSE DES DONNÉES RELATIVES AUX VERRATS
Analyse par haplotype

RACE	HAPLOTYPE	VITESSE DE CROISSANCE (g/j)	INDICE DE CONSOMMATION (kg/kg)	ÉPAISSEUR DE LARD DORSAL (mm)	INDICE DE SÉLECTION	
LARGE WHITE	Haplotype 13-1-3	Porteurs (n = 24)		+ 0,5	87	
		Non-porteurs (n = 234)		- 0,5 *	96 *	
	Haplotype 20.5.4	Porteurs (n = 9)	- 46	+ 0,14		85
		Non-porteurs (n = 249)	+ 46 ***	- 0,14 ***		99 *



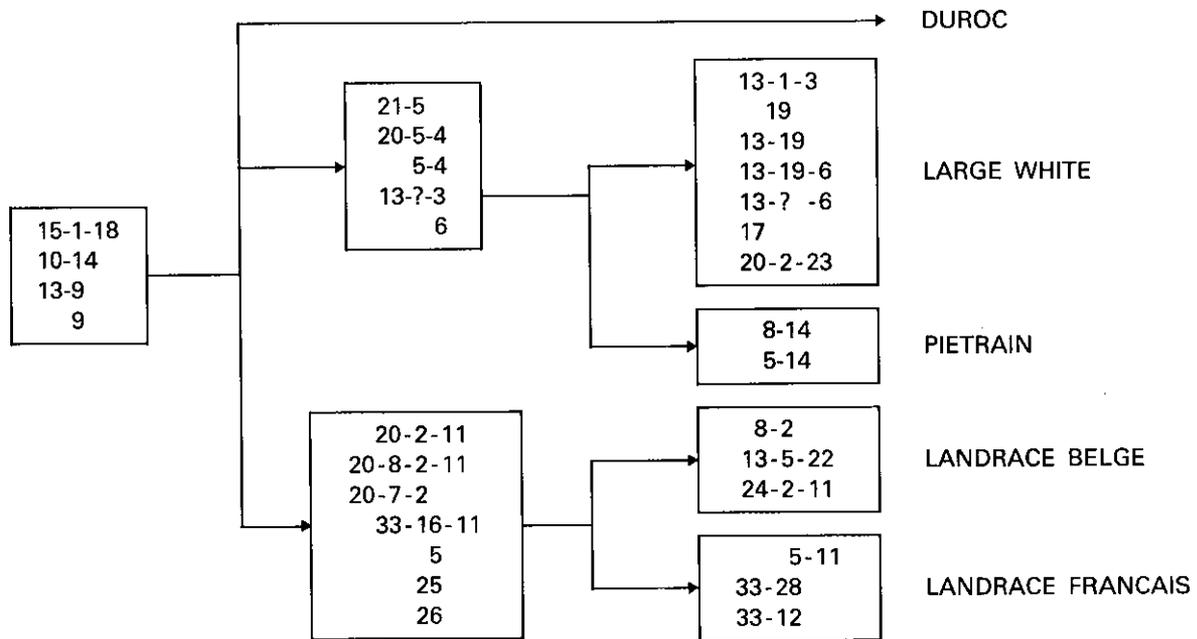
RACE	HAPLOTYPE		VITESSE DE CROISSANCE (g/j)	INDICE DE CONSOMMATION (kg/kg)	ÉPAISSEUR DE LARD DORSAL (mm)	INDICE DE SÉLECTION
LANDRACE FRANÇAIS	Haplotype 15-1-18	Porteurs (n = 7)			+ 0,9	84
		Non-porteurs (n = 69)			- 0,9 *	104
	Haplotype 16.11	Porteurs (n = 11)			- 0,6	101
		Non-porteurs (n = 65)			+ 0,6 *	87

Le maintien d'un polymorphisme élevé du système SLA évite les croisements produisant des porcelets homozygotes. Or l'homozygotie SLA peut provoquer une diminution parfois notable de la taille de portée (RENARD *et al.*, 1985). Pour certains haplotypes SLA, il existe également un déficit de porcelets homozygotes à la naissance laissant soupçonner l'existence de gènes létaux associés. Une expérience est actuellement en cours pour analyser ce phénomène pendant la gestation. Depuis, nous avons observé également que les porcelets homozygotes nés de tels croisements sont moins lourds à la naissance que le reste de la portée si l'on prend en compte les animaux mourant avant le sevrage (ROTHSCHILD *et al.*, sous presse). L'homozygotie SLA semblant défavorable à plus d'un titre, il est donc important de maintenir le polymorphisme de ce système.

c) Comparaison des haplotypes SLA entre les races améliorées

Dans la figure 5, nous avons représenté un diagramme avec les haplotypes communs à toutes les races améliorées, puis ceux communs à deux races et enfin les haplotypes particuliers à chacune. Les haplotypes dont la fréquence est inférieure à 0,01 ne sont pas pris en compte. Cette figure reflète le degré de ressemblance des races entre elles et laisse présumer de leur histoire. La division des races de départ en nouvelles lignées, les croisements et la sélection n'ont pas eu la même influence sur la conservation de tous les haplotypes. Le tableau 3 met en évidence la proportion relative de ces groupes d'haplotypes communs ou différents dans chaque race.

FIGURE 5
HAPLOTYPES COMMUNS ET PARTICULIERS AUX 4 RACES AMÉLIORÉES



Le Piétrain est plus proche du Large White que des Landraces.

Les haplotypes particuliers au Large White sont les plus nombreux et les mieux connus parce que les plus étudiés.

Le Duroc est différent des quatre autres races (39 % d'haplotypes inconnus ou différents) mais c'est la race qui garde la plus grande proportion d'haplotypes « ancestraux ou communs » (59 %).

La fréquence d'haplotypes communs est plus faible chez les Landraces, soit parce qu'ils les ont acquis par croisement, soit parce qu'ils les ont perdus au cours de leur évolution.

L'analyse des porcs Danois a été introduite dans le tableau 3 à titre d'exemple. On retrouve le même diagramme et des fréquences similaires de ces groupes d'haplotypes, quel que soit le pays considéré (KRISTENSEN *et al.*, 1985).

d) Le porc Piétrain

Le Piétrain semblait historiquement apparenté au Landrace Belge, à cause de la présence de gènes contrôlant la sensibilité à l'halothane et le phénomène culard dans ces deux races. Sur le plan des haplotypes SLA, la part commune uniquement au Landrace Belge et au Piétrain actuel est très faible. Il existe seulement deux haplotypes communs à ces deux races. Leur fréquence cumulée est de 0,03 chez le Piétrain et 0,02 chez le Landrace Belge. Le Piétrain est l'unique race colorée parmi les races améliorées. Les races rustiques du sud de la France sont également colorées. De plus, le Piétrain a un haplotype particulier retrouvé chez le Normand et dont la fréquence est identique (0,13). Ce caractère est absent de toutes les autres races améliorées. Dix ans séparent les tests de ces deux échantillons de porcs de type Normand. Cette stabilité de fréquence reflète l'origine ancestrale de cet haplotype et sa neutralité dans la sélection. Il y aurait donc une origine celte ou flamande commune au Piétrain et aux races normandes. On retrouve également cet haplotype dans deux des trois races celto-ibériques du Sud-Ouest, ce qui suggérerait une origine plutôt celte de cet haplotype.

III - POLYMORPHISME DU COMPLEXE SLA DANS LES RACES DE PORCS DE PAYS

1) Matériel animal

Nous avons testé le système SLA de la plupart des animaux vivants et accessibles appartenant aux races Basque (57), Gascon (58), et Limousin (61) entre 1983 et 1985. Nous avons également récolté des informations sur les haplotypes SLA des porcs Corse (16 individus et 4 portées) et des porcs Ibérique appartenant à 3 races de pays conservées près de Tolède.

Dans l'Ouest de la France, nous avons testé 23 porcs Blanc de l'Ouest en 1972 et récemment nous avons commencé l'étude des porcs Bayeux (15) et Normand (12).

2) Résultats et discussion

a) Etat du polymorphisme SLA dans ces petites populations.

Dans le tableau 4, il apparaît que le polymorphisme du Bayeux a été réduit. Dans cette race, il ne reste plus que 4 haplotypes fréquents dans les Landrace ou Large White. En dernière génération tous les animaux ont le même haplotype commun en simple ou en double exemplaire. Le polymorphisme du système SLA s'est bien maintenu dans les autres races y compris chez les porcs de race ibérique en dépit d'un coefficient de consanguinité élevé.

TABLEAU 4

POLYMORPHISME DU COMPLEXE MAJEUR D'HISIOCOMPATIBILITÉ SLA DANS LES RACES DE PAYS

RACES	Nombre d'haplotypes	Nombre de porcs testés	Fréquence d'haplotypes Inconnus
Normand	7	11	0,08
Blanc de l'Ouest	9	23	0,60
Bayeux	4	11	0
Basque	9	57	0,06
Gascon	11	58	0,06
Limousin	18	61	0,12
Ibérique	8	13	?
Corse	8	16	0,12

b) Description des races d'origine celtique

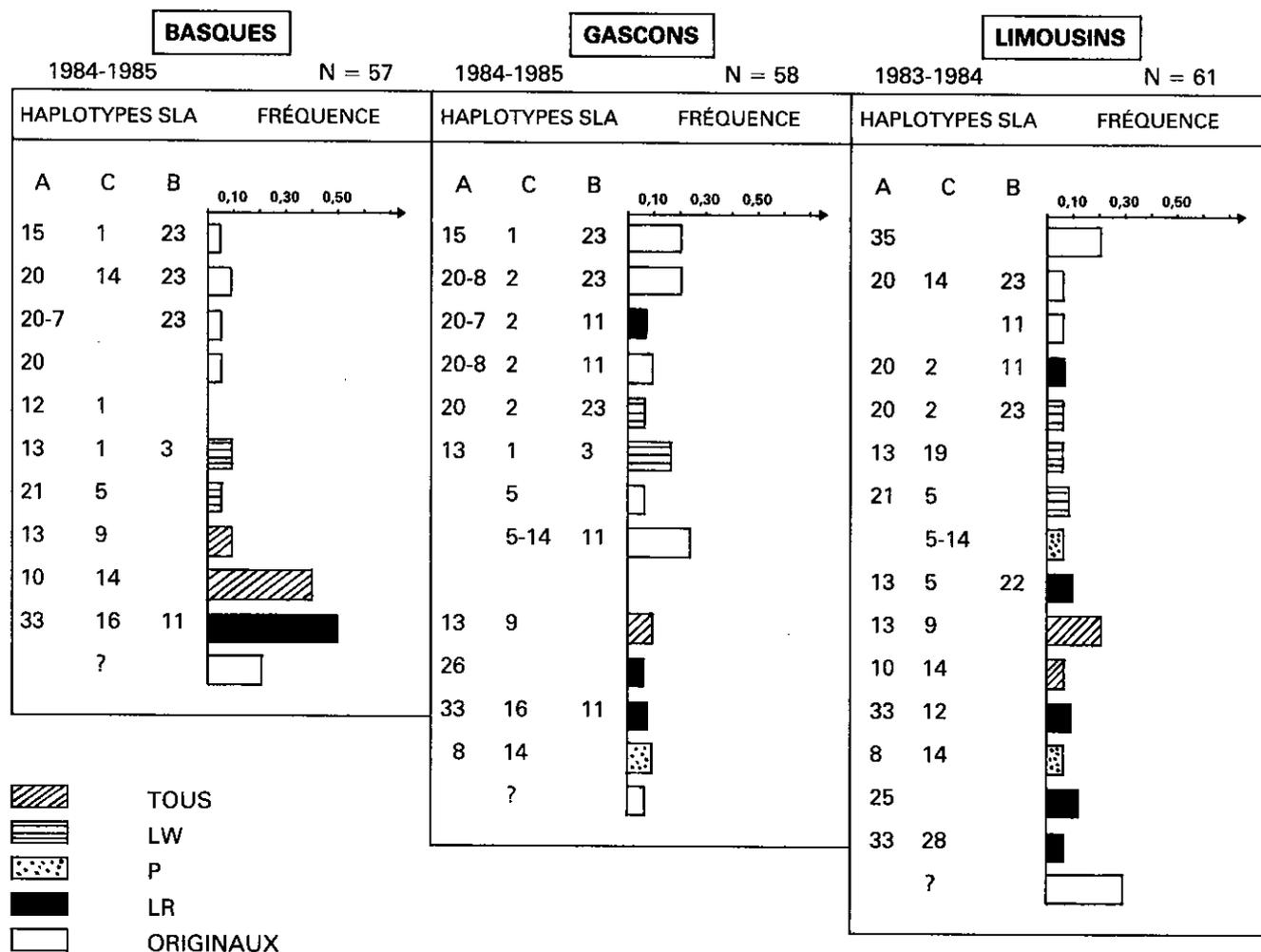
Le Normand a conservé un grand nombre d'haplotypes malgré la faiblesse de l'échantillonnage actuellement testé. Les caractères SLA des porcs Normand, dits Blanc de l'Ouest, en 1972, étaient très polymorphes également, surtout si l'on tient compte de la proportion élevée des caractères non identifiés par nos réactifs. La connaissance du système SLA dans cette race est encore limitée. Cependant, plusieurs haplotypes ont été conservés au cours du temps. Elle possède également entre 3 et 6 haplotypes typiquement Landrace à côté d'un haplotype Piétrain et d'un unique caractère commun à toutes les races améliorées. Sur le plan du complexe SLA, cette race est très éloignée du Large White et intermédiaire entre le Piétrain et le Landrace.

c) Description des races d'origine celto-ibérique

La figure 7 représente les haplotypes observés dans les races rustiques du Sud-Ouest et leur fréquence dans les populations connues. Contrairement aux races précédentes, le déséquilibre de liaison observé dans les races améliorées n'existe pas dans ces races de pays. La spécificité 8 se trouve dans 3 haplotypes différents, et SLA 11 dans 6 haplotypes. La distribution des allèles les uns par rapport aux autres semble donc plus proche de l'équilibre.

Il existe d'autres associations gamétiques dans ces races de pays, traces probables d'haplotypes ancestraux qui sont différents de ceux du Nord de la France. Les haplotypes 5-14-11 et 15-1-23 en sont des exemples. Le premier n'est observé que chez le Gascon, alors que le second, fréquent chez le Gascon, se retrouve curieusement chez les porcs chinois Jiaxing et certains porcs américains. On observe également de nouveaux allèles comme le caractère 35 fréquent chez le Limousin.

FIGURE 7
RACES CELTO-IBÉRIQUES



PORCS IBÉRIQUES

CORSES

1983 N = 13

RACES	HAPLOTYPES SLA		
	LOCI : A C B		
TORBISCAL	20	5	4
	20	2	11
	20-8	2	11
GUADYERBOS	20-8	2	23
	20-8	2	11
	15	14	
GAMITO	20-8	2	23
	20	2	11
	20-8		6
	15	14	

1974-1983 N = 16

HAPLOTYPES SLA		
LOCI : A C B		
20-8	2	11
8	16	11
17	2	
17		
13	9	
13	5	22
25		
29		
INCONNUS		

Contrairement aux races de l'Ouest de la France il y a en plus de ces caractères originaux, la trace de l'introduction de caractères Large White qui a eu lieu au début du siècle chez les porcs périgourdins et limousins. La proportion d'haplotypes communs à chaque race améliorée, présente dans ces races de pays, est représentée dans le tableau 5.

TABLEAU 5
FRÉQUENCE DES HAPLOTYPES SLA DES RACES AMÉLIORÉES
RETROUVÉS DANS LES RACES DE PORCS DE PAYS

HAPLOTYPES	RACES DE PAYS	Basque	Gascon	Limousin
Communs à toutes les races améliorées		0,35	0,09	0,20
Communs au LW		0,04	0,13	0,15
Communs au P		0	0,08	0,06
Communs au LR		0,46	0,08	0,16
Originaux		0,25	0,62	0,41

Le complexe SLA du porc Basque est le moins polymorphe et le moins original. Les caractères communs au Landrace sont les plus fréquents.

Le porc Gascon a la plus grande fréquence de caractères SLA originaux. Il appartient à la race la plus ancienne. Par rapport aux races améliorées, il a des haplotypes caractéristiques du Large White, du Piétrain et du Landrace.

Le porc Limousin a le plus grand nombre de caractères inconnus, donc originaux (tableau 4). C'est du même ordre de grandeur que chez le porc Corse. Il est de type traditionnellement nommé ibérique. Comme le porc Gascon, il a quelques traces de caractères SLA particuliers de Large White, Piétrain ou Landrace.

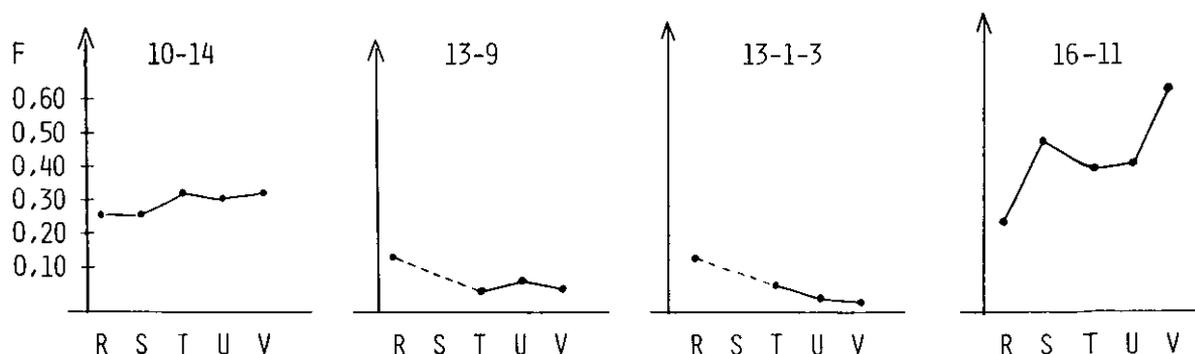
Le Gascon, comme le Limousin et le Corse, possède des haplotypes communs aux quelques porcs Ibérique testés. Un échantillon plus grand de porcs Ibérique et Corse serait nécessaire pour approfondir l'histoire de ces races.

d) Evolution des fréquences du système SLA dans les petites populations.

1) Le porc Basque

Les 3 dernières générations de porc Basque typées pour le système SLA mettent en évidence un faible polymorphisme par rapport au Gascon. Il semble que le porc Basque ait perdu son originalité en peu de temps à cause de la dérive génétique au profit de deux caractères très fréquents dans les races améliorées.

FIGURE 8
BASQUES : ÉVOLUTION DE LA FRÉQUENCE DES HAPLOTYPES SLA SUR PLUSIEURS GÉNÉRATIONS



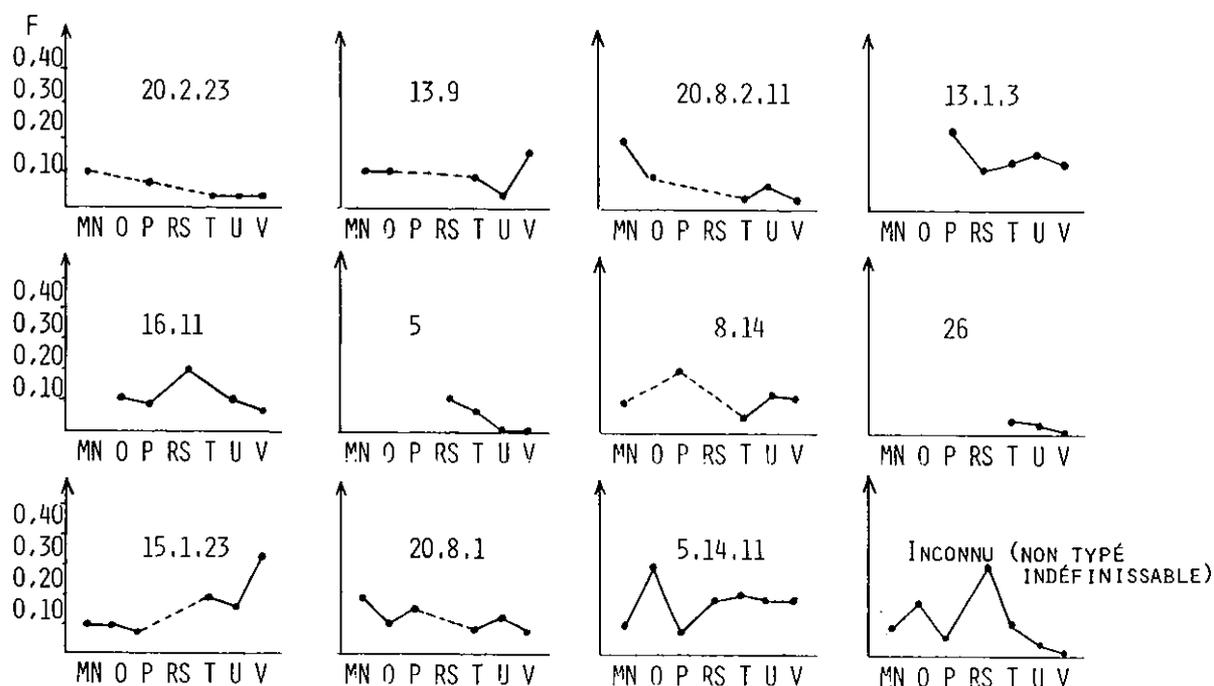
Or si l'on trace l'évolution de la fréquence de quelques haplotypes SLA aux cours des générations R, S, T, U et V, on obtient la figure 8. Les haplotypes originaux semblent avoir été introduits dans le groupe à la génération T. Peut-être provenaient-ils d'une autre vallée où il existe des animaux que nous n'avons pas encore réussi à typer. La fréquence des caractères les plus rares à la génération R décroît rapidement comme cela était prévisible. Les deux haplotypes les plus fréquents à la dernière génération l'étaient aussi 5 générations auparavant. mais la fréquence de l'haplotype 16-11 s'est accru rapidement à la dernière génération. Ces deux haplotypes fréquents se trouvent en situation d'homozygotie possible pour les porcelets dans une dizaine de familles. Cela ne provoque pas de diminution significative de la taille des portées bien qu'il y ait une tendance dans ce sens pour l'haplotype 10-14.

2) Le porc Gascon

L'évolution des fréquences des haplotypes SLA chez le porc Gascon est décrite dans la figure 9. Sauf deux haplotypes dont la fréquence augmente à la dernière génération, l'évolution des fréquences semble atteindre l'équilibre dans les 3 dernières générations après quelques variations importantes observées dans les plus anciennes générations.

Les porcs Gascon et Basque proviennent d'un nombre équivalent de reproducteurs repris au début de la mise en place du plan de conservation des races. mais le nombre de truies non apparentées et de mâles est plus important chez le Gascon. De plus, le taux de renouvellement est plus lent chez le porc Gascon que le porc Basque. Les truies gasconnes servent généralement à la production de truies hybrides (la truie Bleue) appréciées pour leurs qualités rustiques et maternelles. Tous ces faits suffisent à expliquer la faiblesse du polymorphisme du SLA chez le porc Basque par rapport au porc Gascon.

FIGURE 9
GASCONS : ÉVOLUTION DE LA FRÉQUENCE DES HAPLOTYPES SLA SUR PLUSIEURS GÉNÉRATIONS



CONCLUSION

A plusieurs reprises, nous avons déjà décrit des relations ponctuelles entre certains haplotypes SLA et des caractères de production. D'autres équipes travaillant sur le porc ont publié des résultats complémentaires (ROTHSCHILD *et al.*, 1983). Dernièrement VAIMAN (1985) a présenté une revue regroupant les observations de liaisons entre les caractères de production et le système majeur d'histocompatibilité dans plusieurs espèces animales.

Nous avons essayé de répondre aux questions suivantes :

- La sélection pratiquée par les éleveurs modifie-t-elle la fréquence des haplotypes SLA ?
- Dans les petites populations, la dérive génétique contribue-t-elle toujours au maintien du même groupe d'haplotypes ?
- La conservation du polymorphisme du système SLA est-elle importante pour la production animale ?

Les réponses à ces questions sont encore partielles. Nous pouvons néanmoins tenir compte des observations décrites à ce sujet dans la population humaine : une étude de PIAZZA porte à 12 % le rôle de la sélection naturelle sur le polymorphisme du HLA. Il existe des allèles du système HLA plus touchés par la sélection que d'autres. Nos résultats chez le porc ne contredisent pas ces observations.

Il reste à comprendre pourquoi la région SLA est impliquée pour des caractères aussi différents que l'épaisseur de lard, la croissance, le taux d'ovulation ou la mortalité embryonnaire. Il ne faut pas oublier que chez la souris plus de 60 traits sont corrélés au système d'histocompatibilité H-2.

Une approche possible est déjà de voir si comme chez l'homme et la souris, le SLA du porc possède des gènes codant pour un enzyme impliqué dans le métabolisme des stéroïdes, mais très certainement, beaucoup d'autres gènes associés à la région SLA restent à définir.

BIBLIOGRAPHIE

- CAPY P., RENARD C., SELIER P., VAIMAN M., 1981. *Ann. Génét. Sél. anim.*, **13** (4), 441-446.
- DEGOS L., DAUSSET J., 1974. *Immunogenetics*, **1**, 195-210.
- DEGOS L., DAUSSET J., 1975. *Tissue Antigens*, **5**, 464.
- DOLF G.J., 1984. Thèse de Doctorat, Zurich.
- GEFFROTIN Cl., POPESCU C.P., CRIBIU E.P., BOSCHER J., RENARD Ch., CHARDON P., VAIMAN M., 1984. *Ann. Gen.*, **27** (4), 213-219.
- HEDRICK P.W., THOMSON G., 1983. *Genetics*, **104**, 449-456.
- HRUBAN V., SIMON M., HRADECKY J., JILEK F., 1976. *Tissue Antigens*, **7**, 267-271.
- KIRSZENBAUM M., RENARD Ch., GEFFROTIN Cl., CHARDON P., VAIMAN M., 1985. *Animal Blood Groups and Biochemical Genetics*, **16**, 65-68.
- KRISTENSEN B., PHILIPSEN M., LAZARY S., RENARD Ch., DE WECK A.L., 1985. *Animal Blood Groups and Biochemical Genetics*, **16**, 109-124.
- PIAZZA A., MENOZZI CAVALLI-SFORZA L.L., 1980. *Human Immunol.*, **1**, 297.
- RASMUSEN B.A., 1982. *Animal Blood Groups and Biochemical Genetics*, **13**, 285-289.
- RENARD Ch., BOLET G., DANDO P., VAIMAN M., 1985. *Journées Rech. Porcine en France*, **17**, 105-112.
- RENARD Ch., VAIMAN M., CAPY P., SELIER P., 1982. 2nd World Congress on Genetics applied to Livestock Production, **8**, 570-584.
- DE ROCHAMBEAU H., 1984. *Journées Rech. Porcine en France*, **16**, 507-514.
- ROTHSCCHILD M.F., LIE W.R., CHEN H.L., WARNER C.M., CHRISTIAN L.L., 1983. *Animal Blood Groups and Biochemical Genetics*, **14**, 251-255.
- TEXIER C., LUQUET M., BOUBY A., MOLENAT M., HOERTER J., SALLIOT S., 1984. *Journées Rech. Porcine en France*, **16**, 495-506.
- VAIMAN M., HAUPTMANN G., MAYER S., 1978 a. *Journal of Immunogenetics*, **5**, 59-65.
- VAIMAN M., METZGER J.J., RENARD Ch., VILA J.P., 1978 b. *Immunogenetics*, **7**, 231-238.
- VAIMAN M., CHARDON P., RENARD Ch., 1979. *Immunogenetics*, **9**, 353-361.
- VAIMAN M., 1985. 36^{ème} Réunion Annuelle de la F.E.Z., Kallitea, Grèce, communication G4.2 (Résumés **1**, 114-115).