

Contrôle chromosomique des populations porcines en France : bilan 2002-2006

Alain DUCOS, Hélène-Marie BERLAND, Nathalie BONNET, Anne SEGUELA, Myriam BENNEJI, Sébastien BILLOUX, Amélie GARNIER-BONNET, Roland DARRE, Alain PINTON

UMR INRA-ENVY 898 Cytogénétique des Populations Animales, 31076 Toulouse cedex 3

a.ducos@envt.fr

Contrôle chromosomique des populations porcines en France : bilan 2002-2006

Les activités de contrôle chromosomique des populations porcines françaises se sont considérablement développées au cours des dix dernières années. A ce jour, plus de 13000 individus ont été caryotypés dans notre laboratoire, dont 60 % depuis 2002. Quatre-vingt dix pour cent étaient de jeunes verrats de race pure contrôlés avant leur mise en service dans les centres d'insémination artificielle, et 3 % des verrats hypoprolifères. Quatre-vingt dix huit remaniements chromosomiques de structure originaux ont été décrits, dont 63 depuis 2002. Cinquante-quatre étaient des translocations réciproques et 8 des inversions péri- ou paracentriques. Pour la première fois depuis la mise en œuvre du programme de contrôle, une translocation Robertsonienne a été mise en évidence. La prévalence des remaniements chromosomiques de structure équilibrés, estimée dans un échantillon de plus de 7000 verrats contrôlés avant leur mise à la reproduction, était de 0,44 %. Vingt et une anomalies sur les 63 décrites depuis 2002 ont été identifiées chez des verrats hypoprolifères. Toutes étaient des translocations réciproques. Douze cas de mosaïcisme (XX/XY chez 11 individus et XY/XXY chez un individu) ont également été diagnostiqués. Deux de ces cas correspondaient à des verrats hypoprolifères et 3 à des individus intersexués. Les résultats présentés dans cette communication nous semblent justifier une intensification des programmes de contrôle chromosomique des populations porcines françaises et plus largement européennes.

Chromosomal control of pig populations in France : 2002-2006 survey.

Chromosomal control activities of pig populations in France have been widely developed during the last ten years. Up to now, more than 13000 individuals have been karyotyped in our laboratory, 60% of whom since 2002. Ninety percent were young purebred boars controlled before service in artificial insemination centres, and 3% were hypoproliferic boars. Ninety-eight structural chromosomal rearrangements have been described, 63 of whom since 2002. Fifty-four were reciprocal translocations and 8 peri- or paracentric inversions. For the first time since the beginning of the control programme, one Robertsonian translocation was identified. The prevalence of balanced structural chromosomal rearrangements estimated in a sample comprising more than 7000 young boars controlled before service was 0.44%. Twenty-one rearrangements out of the 63 described since 2002 were identified in hypoproliferic boars. All were reciprocal translocations. Twelve mosaics (XX/XY in 11 individuals, XY/XXY in one individual) were also diagnosed. Two of these cases corresponded to hypoproliferic boars, and 3 to intersex animals. The results presented in this communication seem to justify an intensification of the chromosomal control of French and more broadly European pig populations.

INTRODUCTION

Les anomalies du caryotype, de nombre ou de structure, sont à l'origine de troubles cliniques variés. On distingue les anomalies chromosomiques acquises des anomalies dites constitutionnelles. Les premières apparaissent plutôt tardivement au cours de la vie et ne concernent qu'une ou quelques lignées cellulaires chez l'individu concerné. Elles sont notamment à l'origine de certains cancers (Debernardi et al., 2004). A l'inverse, une anomalie constitutionnelle est présente dès la conception et, à l'exception des cas de mosaïcisme, affecte de la même façon toutes les cellules de l'individu. Elle peut avoir été transmise par l'un des parents ou apparaître de novo chez un individu. Dans l'espèce humaine, de loin la plus étudiée d'un point de vue cytogénétique, les anomalies chromosomiques constitutionnelles affectent 8,3 nouveaux nés sur 1000 naissances (McKinlay-Gardner et Sutherland, 2004). Environ la moitié (4,3 pour 1000) sont des anomalies de structure équilibrées (sans perte ni gain de matériel chromosomique). Ces anomalies sont responsables de malformations, de retard mentaux ou d'échecs de reproduction.

Compte tenu des enjeux médicaux majeurs, la cytogénétique humaine a connu un essor extrêmement important au cours du 20^{ème} siècle. Comparativement, le développement de la cytogénétique animale a été relativement tardif et bien plus lent. Le nombre de laboratoires significativement impliqués dans des activités de cytogénétique animale clinique est relativement faible. Le nombre d'investigations cytogénétiques réalisées dans les cas de malformations congénitales, par exemple, reste très limité dans les espèces d'élevage alors qu'elles sont pratiquement systématiques chez l'Homme.

Toutefois, l'impact de certains remaniements chromosomiques de structure constitutionnels sur la fonction de reproduction des individus porteurs et/ou de leurs conjoints a été documenté précocement et à de nombreuses reprises dans plusieurs espèces d'élevage (Popescu et Tixier, 1984). Chez le porc, les remaniements chromosomiques les plus fréquemment rapportés sont les translocations réciproques. Soixante-huit avaient été recensées en 1997 (Ducos et al., 1997). De nombreuses autres ont été décrites depuis (Ducos et al., 2002a). Leur fréquence, estimée dans un échantillon de plus de 4000 jeunes verrats contrôlés avant leur mise à la reproduction, était de 0,4 % (Ducos et al., 2002b). Un individu porteur hétérozygote d'une translocation réciproque produit un pourcentage de gamètes déséquilibrés généralement élevé (Pinton et al., 2004), à l'origine d'une mortalité précoce des embryons. Pour un verrot, cela se traduit par une diminution parfois très forte de la taille de portée moyenne de ses conjoints (Popescu et Legault, 1988 ; Ducos et al., 1996). Les conséquences économiques potentielles d'une anomalie chromosomique portée par un reproducteur sont donc considérables (Popescu et al., 1984). Ces considérations ont motivé la réalisation de contrôles chromosomiques systématiques, principalement chez les jeunes verrats destinés à une utilisation en centre d'insémination artificielle.

En France, la quasi totalité des analyses sont actuellement réalisées au sein d'un même laboratoire (UMR INRA-ENVT

cytogénétique des populations animales - plus de 1500 verrats y sont désormais contrôlés annuellement). Un premier bilan de ce programme, en développement presque exponentiel, avait été réalisé en 2002 (Ducos et al., 2002a). L'objectif de cet article est de faire, cinq ans après, un nouveau bilan de l'activité de contrôle chromosomique systématique mise en œuvre en France pour l'espèce porcine. Les développements envisagés pour cette activité seront également discutés.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Animaux contrôlés

Globalement, 90 % des demandes d'analyses qui nous ont été adressées sur la période 2002-2006 concernaient de jeunes verrats âgés de 6 à 10 mois en attente d'agrément pour une utilisation en centre d'insémination artificielle. La plupart étaient des animaux de race pure (lignées mâle et femelle) destinés à une utilisation dans les élevages de sélection et multiplication. L'ensemble de ces animaux avait déjà subi une étape de sélection et ne présentait donc aucun signe d'appel particulier. Quatre-vingt huit 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 leurs parcs de verrats de race pure.

Parallèlement, de 20 à 70 verrats hypoprolifiques ont été contrôlés annuellement entre 2002 et 2006. Le contrôle des verrats hypoprolifiques a représenté globalement 3 % des analyses réalisées sur la période. La moitié environ de ces verrats hypoprolifiques a été détectée à un niveau national en valorisant deux dispositifs permettant une centralisation des données de reproductions enregistrées dans les élevages : la base de données nationale de Gestion Technique des Troupeaux de Truies (Legault et Popescu, 1993), et le dispositif national d'indexation des reproducteurs de race pure pour la prolificité (Tribout et al., 2000). L'autre moitié des verrats hypoprolifiques a été détectée de façon autonome par les organisations de sélection. C'est le cas notamment d'organisations d'autres pays européens qui nous ont sollicités de façon croissante au cours des dernières années (150 analyses sur la période 2002-2006).

Enfin, 7 % des analyses réalisées sur la période ont concerné des individus appartenant aux familles dans lesquelles des remaniements avaient été identifiés (parents, collatéraux et/ou descendants des individus porteurs).

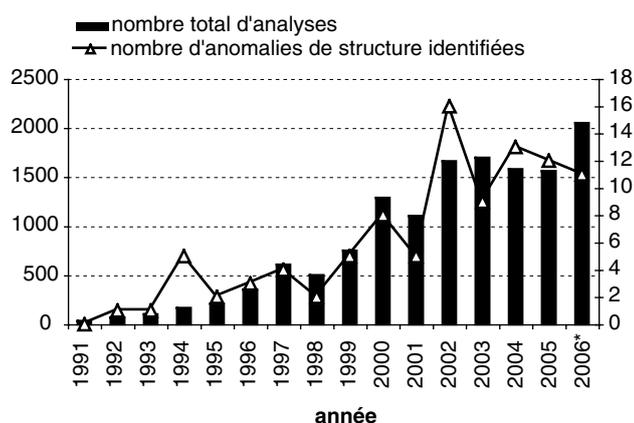
1.2. Méthodes d'analyse

Les modalités de contrôle s'inspirent de celles en vigueur dans les laboratoires de cytogénétique humaine. Toutes les analyses chromosomiques ont été réalisées à l'aide de techniques classiques de coloration en bande des chromosomes (voir Ducos et al., 2002b pour les 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.

Pour certains remaniements, les hypothèses formulées concernant la nature des chromosomes impliqués et la localisation des points de cassure ont été vérifiées à l'aide de techniques de cytogénétique moléculaire (voir par exemple Ducos et al., 2002b).

2. RÉSULTATS

Au 30 septembre 2006, 13101 porcs avaient été caryotypés dans notre laboratoire, dont 7884 (60 %) depuis 2002. Comme l'illustre la figure 1, l'évolution du nombre de contrôles effectués depuis 10 ans a été spectaculaire. Sur la période 2002-2006 qui fait l'objet de ce bilan, le nombre annuel d'analyses a varié entre 1600 et 2000.



* le nombre d'analyses réalisées en 2006 est prédit à partir du nombre moyen mensuel connu pour la période allant de janvier à septembre ; le nombre de remaniements identifiés au 30 septembre (11) a été indiqué

Figure 1 - Evolution du nombre d'analyses réalisées et du nombre de remaniements chromosomiques de structure identifiés depuis 1991

Le nombre total de remaniements chromosomiques de structure originaux identifiés dans notre laboratoire pour l'espèce porcine est de 98 (statistique au 30 septembre 2006). Soixante trois (soit 64 %) l'ont été sur la période 2002-2006 (Tableau 1, annexe 1 - la liste exhaustive des remaniements identifiés jusqu'en 2001 a été publiée précédemment par Ducos et al., 2002a).

Le nombre de remaniements de structure nouveaux identifiés chaque année a varié entre 9 et 16 sur cette période. Si l'on

excepte les analyses réalisées dans le cadre de recherches familiales, toute anomalie de structure identifiée est une anomalie originale, jamais décrite. Cinquante quatre remaniements sur les 63 (soit 86 %) étaient des translocations réciproques. Huit étaient des inversions péri- ou paracentriques. Pour la première fois dans notre laboratoire, après plus de 11000 contrôles effectués, une translocation Robertsonienne a été identifiée en 2005. Elle impliquait les chromosomes 14 et 15 (Figure 2).

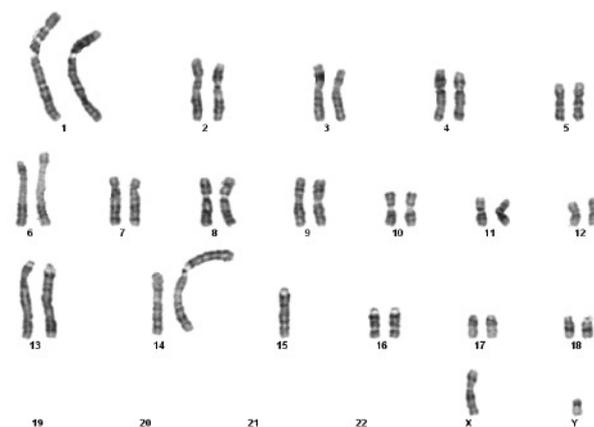


Figure 2 - Caryotype en bandes GTG d'un verrat porteur d'une translocation Robertsonienne 14/15

D'autres remaniements originaux ont été caractérisés au cours de la période 2002-2006. Pour la première fois dans l'espèce porcine, une translocation Y-autosome a été identifiée : t(Y;14)(q10;q11) - Figure 3. Le jeune verrat porteur de ce remaniement, de race Duroc et âgé de 7 mois au moment de l'analyse, s'est avéré incapable de produire de la semence. Les analyses histologiques réalisées à partir de prélèvements testiculaires de cet animal ont montré un arrêt de la spermatogenèse au stade spermatocyte.

Pour la première fois également, nous avons identifié en 2005, chez deux individus, la présence simultanée de deux remaniements de structure équilibrés. L'un d'entre eux portait simultanément une inversion péricentrique du chromosome 2 et une translocation réciproque entre les chromosomes 13 et 14. Le second portait simultanément deux translocations réciproques, l'une impliquant les chromosomes 6 et 8, l'autre les chromosomes 10 et 18 (annexe 1). Ce dernier

Tableau 1 - Répartition par nature et dans le temps des remaniements chromosomiques mis en évidence entre 2002 et 2006

	Translocations réciproques			Inversions		Translocations robertsoniennes	Total
	Verrats hypoprolifiques	Verrats routine ^(a)	Femelles	Verrats routine ^(a)	Femelles	Verrats routine ^(a)	
2002	4	8	1	3			16
2003	4	5					9
2004	4	4	3	1	1		13
2005	4	6	1	2		1	14
2006 ^(b)	5	3	2	1			11
Total	21	26	7	7	1	1	63

^(a) Verrats sans signe d'appel particulier contrôlés avant leur mise à la reproduction

^(b) Anomalies identifiées au 30 septembre 2006 (année en cours lors de la rédaction du manuscrit)

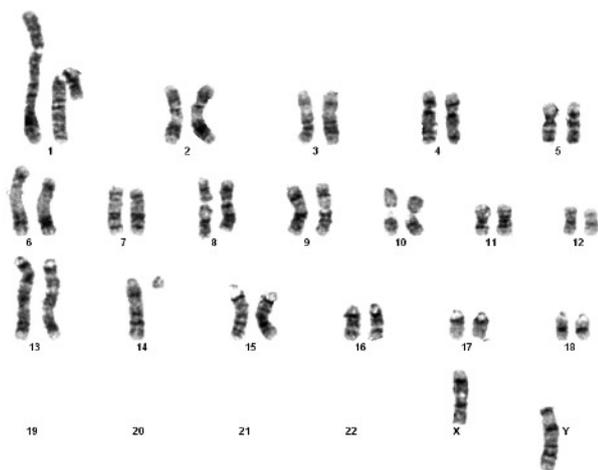


Figure 3 - Caryotype en bandes GTG d'un verrat porteur d'une translocation réciproque Y/14

individu, un verrat de race Piétrain, a produit de la semence de façon normale. La conclusion du spermogramme effectué au Laboratoire National de Contrôle des Reproducteurs était « favorable ». Un stock de paillettes congelées a été constitué en prévision d'expérimentations spécifiques. De nombreuses tentatives d'insémination en semence fraîche ont été réalisées sur des truies Meishan à l'élevage expérimental INRA du Magneraud. Aucune gestation n'a pu être obtenue suite à ces inséminations.

Comme indiqué au tableau 1, 33 anomalies sur les 63 identifiées depuis 2002 (soit 52 %) concernaient de jeunes verrats ne présentant aucun signe d'appel particulier, analysés dans le cadre du dispositif de contrôle systématique avant mise à la reproduction (31 verrats concernés, dont 2 portaient simultanément deux remaniements). Du 01/01/2002 au 30/09/06, 7095 verrats analysés au laboratoire entraient dans cette catégorie. Dans cet échantillon, la prévalence des remaniements chromosomiques de structure équilibrés était donc de 0,44 % (31/7095).

Vingt et une anomalies chromosomiques ont été identifiées sur des verrats hypoprolifères. Toutes étaient des translocations réciproques. La majorité de ces remaniements (19/21) ont été identifiés suite à des analyses effectuées à la demande d'organisations professionnelles, majoritairement non françaises (16/19), ayant détecté l'hypoprolifère des verrats de façon autonome. Des données de reproduction ont pu être obtenues pour 3 de ces translocations uniquement. Le verrat porteur de la translocation $t(12 ; 14)(q13 ; q15)$ a engendré 57 portées d'une taille moyenne de 6,7 porcelets nés totaux. Cette valeur était inférieure de 39 % à la taille moyenne des portées issues des autres verrats contemporains de l'élevage. Le verrat porteur de la translocation $t(4 ; 5)(p13 ; q21)$ a engendré 74 porcelets en 11 portées (6,7 porcelets par portée en moyenne, une fois encore). Ce verrat était considéré comme hypoprolifère mais les données de reproduction des verrats contemporains ne nous ont pas été communiquées. Le troisième verrat, porteur de la translocation $t(7 ; 14)(q26 ; q25)$ a engendré 33 portées d'une taille moyenne de 7,7 porcelets nés totaux. Là encore, aucune information sur les performances de reproduction des verrats contemporains ne nous a été communiquée. L'une des translocations

réciproques, la $t(3 ; 16)(q23 ; q22)$, a été détectée chez un verrat hypoprolifère ayant, de surcroît, procréé plusieurs dizaines de porcelets malformés (fentes palatines). L'analyse cytogénétique réalisée dans la descendance de ce verrat a montré un caryotype déséquilibré identique (monosomie 16 et trisomie 3 partielles) chez tous les porcelets malformés. Ce caryotype déséquilibré était le résultat d'une ségrégation méiotique de type adjacente-1 chez le père (Ducos et al., 2004).

Huit anomalies sur les 63 ont été identifiées sur des femelles (7 translocations réciproques et une inversion). Quatre de ces femelles appartenaient à une lignée sino-européenne en cours de création (annexe 1). Des contrôles systématiques de l'ensemble des reproducteurs utilisés ont été réalisés dans cette population dans laquelle plusieurs remaniements étaient en ségrégation, dans un but d'éradication. L'une des 8 femelles avait été contrôlée en raison des faibles tailles de portée constatées, deux autres dans le cadre d'un contrôle familial pour l'éradication d'anomalies différentes, et la dernière, de race Meishan, dans le cadre d'une expérimentation conduite par notre laboratoire.

Outre les remaniements de structure évoqués ci-dessus, deux autres anomalies de type « mosaïques » ont été mises en évidence. Onze cas de mosaïcisme XX/XY ont été détectés. Le pourcentage estimé de cellules XY dans ces mosaïques variait de 15 % à 99 %. Sur ces onze cas, deux correspondaient à des verrats considérés comme hypoprolifères, 6 à des verrats analysés dans le cadre du dispositif de contrôle systématique de routine, et 3 à des individus déclarés « intersexués ». Un autre cas de mosaïcisme, XY/XXY (97 % de cellules XXY) cette fois, a été diagnostiqué chez un jeune verrat de race Landrace français. Des analyses histologiques ont été réalisées à partir de prélèvements effectués sur les deux testicules de cet animal. Ces analyses ont révélé une hypoplasie séminifère bilatérale marquée à sévère, avec prolifération interstitielle diffuse sévère de cellules de Leydig et défaut de maturation des cellules germinales.

3. DISCUSSION

Avec plus de 1500 contrôles réalisés annuellement depuis 2002 et un total de plus de 13000 porcs caryotypés, notre laboratoire développe une activité unique au niveau mondial. Le nombre de demandes d'analyses a augmenté de façon considérable au cours des 10 dernières années (Figure 1). Sur la période la plus récente, ce sont les demandes émanant d'autres pays européens (Pays-Bas principalement) qui ont connu la plus forte croissance.

Avec près de 100 anomalies originales décrites, notre laboratoire a contribué de façon majeure à l'identification des remaniements chromosomiques dans l'espèce porcine (moins de 100 autres cas ont fait l'objet de publications). Certaines anomalies identifiées correspondent à des types de remaniements jamais mis en évidence dans le passé dans cette espèce (translocation Y-autosome, simultanéité de deux remaniements de structure chez un même individu). Notre statut de laboratoire de référence en matière de contrôle chromosomique des populations animales d'élevage est désormais clai-

rement établi au niveau européen. Notre proposition récente de mettre en ligne et de gérer une nouvelle base de données recensant l'ensemble des remaniements chromosomiques décrits dans l'espèce porcine au niveau mondial, s'inspirant de dispositifs existant chez l'Homme (Cohen et al., 2001), a été accueillie très favorablement lors du dernier colloque européen de cytogénétique animale (Lisbonne, Juin 2006). Une version préliminaire de cette base de données est accessible à l'URL : <http://www.cytogenetique.envt.fr>.

Sur les 63 remaniements mis en évidence depuis 2002, 33 concernaient de jeunes verrats destinés à une utilisation par insémination artificielle dans les élevages de sélection et multiplication. La réforme des individus porteurs consécutive à l'identification des remaniements a donc permis d'éviter une diffusion potentiellement massive de ces anomalies qui auraient généré des pertes économiques probablement considérables pour la filière porcine, sans commune mesure avec le coût global des opérations de contrôle (Ducos et al., 1996).

La prévalence des remaniements chromosomiques de structure équilibrés dans l'espèce porcine, estimée en tenant compte des résultats les plus récents, est de 0,44 %. Cette valeur confirme l'estimation réalisée en 2002 à partir d'un échantillon d'animaux contrôlés de taille sensiblement plus faible (Ducos et al., 2002b). Cette valeur est également comparable à celle estimée chez l'Homme à la naissance (0,43 % - McKinlay-Gardner et Sutherland, 2004). A notre connaissance, le porc est la seule espèce animale autre que l'Homme pour laquelle on dispose aujourd'hui d'une estimation précise de la prévalence des remaniements chromosomiques.

Depuis 2002, 21 remaniements chromosomiques ont été identifiés chez des verrats hypoprolifiques. Le fait que tous soient des translocations réciproques pourrait laisser penser que les autres types de remaniements (inversions péri- et paracentriques) sont sans effet sur la reproduction. Toutefois, notre recul relativement limité concernant les inversions chez le porc (la première a été identifiée il y a à peine plus de 10 ans - Miyake et al., 1994) doit nous inciter à la plus grande prudence. Les résultats établis chez l'Homme montrent clairement qu'un individu porteur hétérozygote d'une inversion est susceptible de produire des gamètes déséquilibrés (de 0 à 37,4 % d'après la synthèse d'Anton et al., 2005), même si les proportions de gamètes déséquilibrés sont en moyenne plus faibles dans le cas des inversions que dans le cas des translocations réciproques (de 19 % à 81 % - Benet et al., 2005). Ces considérations nous ont conduits, jusqu'à présent, à conseiller systématiquement la réforme des individus porteurs d'inversions comme de translocations (principe de précaution). Un conseil plus pertinent serait de ne proposer la réforme des jeunes verrats porteurs d'inversions que si le taux de gamètes déséquilibrés estimé dans leur semence est effectivement important. Dans cette perspective, une méthode d'estimation du taux de déséquilibre initialement développée chez l'Homme et basée sur l'hybridation *in situ* de sondes moléculaires sur des noyaux de spermatozoïdes décondensés (« spermFISH ») a été adaptée à l'espèce porcine. Des résultats préliminaires ont

été obtenus pour deux translocations réciproques (Pinton et al., 2004) et des travaux sont en cours pour d'autres remaniements. Cependant, la relative lourdeur de la méthode, nécessitant en particulier le développement de jeux de sondes spécifiques pour pratiquement chaque anomalie (pas de sondes commerciales disponibles comme chez l'Homme), fait qu'il est, à ce stade, assez peu réaliste d'envisager son utilisation en routine pour l'étude approfondie de toute nouvelle anomalie (inversion notamment).

La majorité (19/21) des verrats hypoprolifiques s'avérant, après analyse, porteurs d'une translocation réciproque, a été détectée directement et de façon autonome par les organismes de sélection. Près d'un verroat hypoprolifique sur deux détecté de cette façon s'est avéré porteur d'un remaniement. Ce ratio est beaucoup plus important que celui observé dans le cas d'une détection centralisée de l'hypoprolificté (moins de 1 sur 20). Les raisons expliquant une telle différence d'efficacité entre les deux approches ont déjà été discutées à plusieurs occasions (Legault et Popescu, 1993 ; Ducos et al., 1996 ; Ducos et al., 1997) et ne seront pas reprises ici. Ces résultats nous conduisent néanmoins à inciter fortement les organisations d'élevage (unités de sélection, centres d'insémination), notamment françaises, à faire contrôler de façon plus systématique les verrats détectés par leurs propres moyens comme étant hypoprolifiques, même si ces individus sont de toute façon écartés de la reproduction en raison de leurs mauvais résultats de reproduction. Cette recommandation concerne les verrats de race pure comme les verrats terminaux. En effet, tout individu porteur d'un remaniement chromosomique de structure (translocation ou inversion) est susceptible de l'avoir hérité de l'un de ses parents. En détectant précocement l'hypoprolificté d'un verroat et le remaniement chromosomique qui en est la cause, on augmente la probabilité que ses parents soient encore vivants au moment de la détection. Le contrôle de ces parents pourrait permettre, dans certains cas, de retrouver le remaniement incriminé chez l'un d'entre eux, notamment chez la mère chez laquelle il aurait plus facilement pu passer inaperçu. Cette approche permettrait de renforcer globalement l'efficacité du dispositif de contrôle et d'éradication des remaniements chromosomiques.

Peu de données de reproduction nous ont été communiquées pour les verrats hypoprolifiques s'avérant, après contrôle, porteurs de translocations. Les quelques informations disponibles montrent des tailles moyennes de portées engendrées par ces verrats de l'ordre de 7 porcelets nés totaux. Cette valeur traduit une baisse de prolificité assez forte dans tous les cas de figure, comparable aux nombreuses estimations publiées dans le passé (Ducos et al., 1996).

CONCLUSION

Le dispositif de contrôle chromosomique mis en place en France présente un intérêt opérationnel reconnu par les organisations professionnelles porcines françaises. Les résultats présentés dans cet article nous semblent justifier une intensification de ce programme, en France et en Europe. Les activités de contrôle chromosomique permettent par ailleurs aux scientifiques de disposer d'un matériel biologique de

grande valeur pour la réalisation d'études fondamentales, visant par exemple à documenter l'impact des remaniements chromosomiques sur le déroulement et les produits de la méiose, ou à étudier l'impact de ces remaniements sur la structure et la dynamique des territoires chromosomiques dans des types cellulaires variés, dont les gamètes. Le fait de développer de tels travaux chez le porc nous permet d'envisager, pour certaines questions, d'aller plus loin que les cytogénéticiens de l'Homme du fait d'un accès plus aisé au matériel biologique (comparaison des profils de ségrégation entre sexes, par exemple - Pinton et al., 2005), et de produire des

résultats plus pertinents que les cytogénéticiens de la souris en utilisant un modèle animal dont le caryotype présente une structure plus proche de celle de l'Homme.

REMERCIEMENTS

Nous adressons nos sincères remerciements à l'ensemble des éleveurs, des personnels des centres d'insémination et des organisations de sélection porcine pour la mise à disposition du matériel biologique et des informations relatives aux animaux contrôlés.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Anton E., Blanco J ; Egozcue J., Vidal F., 2005. Sperm studies in heterozygote inversion carriers: a review. *Cytogenet. Genome Res.*, 111, 297-304.
- Benet J., Oliver-Bonet M., Cifuentes P., Templado C., Navarro J., 2005. Segregation of chromosomes in sperm of reciprocal translocation carriers: a review. *Cytogenet. Genome Res.*, 111, 281-290.
- Cohen O., Mermet M.A., Demongeot J., 2001. HC Forum®: a web site based on an international human cytogenetic database. *Nucleic Acids Res.*, 29, 305-307.
- Debernardini S., Lillington D., Young B.D., 2004. Understanding cancer at the chromosome level: 40 years of progress. *Eur. J. Cancer*, 40, 1960-1967.
- Ducos A., Berland H.M., Pinton A., Séguéla A., Darré R., 1996. Un reproducteur porcin de qualité doit être indemne d'anomalie chromosomique. *Rev. Méd. Vét.*, 147, 101-108.
- Ducos A., Berland H.M., Pinton A., Séguéla A., Blanc M.F., Darré A., Sans P., Darré R., 1997. Les translocations réciproques chez le porc : état des lieux et perspectives. *Journées Rech. Porcine*, 29, 375-382.
- Ducos A., Pinton A., Séguéla A., Berland H.M., Brun-Baronnat C., Bonnet N., Darré R., 2002a. Contrôle chromosomique des populations porcines en France : bilan de 5 années d'activité. *Journées Rech. Porcine*, 34, 269-275.
- Ducos A., Pinton A., Yerle M., Séguéla A., Berland H.M., Brun-Baronnat C., Darré R., 2002b. Cytogenetic and molecular characterization of 8 new reciprocal translocations in the pig species. Estimation of their incidence in the French populations. *Genet. Sel. Evol.*, 34, 389-406.
- Ducos A., Pinton A., Berland H.M., Calgaro A., Brun-Baronnat C., Bonnet N., Darré R., Milan D., 2004. Cleft palate associated with an unbalanced karyotype in piglets sired by a boar heterozygous carrier of a balanced constitutional reciprocal translocation. *Vet. Record*, 154, 659-661.
- Legault C., Popescu C.P., 1993. Les translocations réciproques chez le porc domestique : détection, éradication et prévention. *Elevage et Insémination*, 254, 1-12.
- McKinlay-Gardner R.J., Sutherland G.R., 2004. Basic concepts: elements of medical genetics. In: R.J. McKinlay-Gardner and G.R. Sutherland (Eds), *Chromosome abnormalities and genetic counselling*, 3-19. Oxford University Press, New York, USA.
- Miyake Y.I., Matsubara T., Hata M., Kaneda Y., 1994. Chromosomal pericentric inversion detected in a sow and her piglets. *Theriogenology*, 42, 241-246.
- 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.
- 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.
- Popescu C.P., Bonneau M., Tixier M., Bahri I., Boscher J., 1984. Reciprocal translocations in pigs. Their detection and consequences on animal performances and economic losses. *J. Hered.*, 75, 448-452.
- Popescu C.P., Legault C., 1988. Anomalies chromosomiques et "hypoproliféricité". *Journées Rech. Porcine*, 20, 297-304.
- Tribout T., Ducos A., Maignel L., Bidanel J.P., 2000. Utilisation du système d'information BLUP pour la détection des verrats porteurs d'anomalies chromosomiques. *Techniporc*, 23, 19-24.

Annexe 1 - Liste exhaustive des remaniements chromosomiques de structure identifiés au sein de l'UMR INRA-ENVT 898
Cytogénétique des Populations Animales entre 2002 et 2006

Anomalie*	Date	Motif du contrôle**	Race***	Sexe	Origine du demandeur
t(12;14)(q13;q15)	janv-02	1	DU	M	F
t(5;14)(q21;q12)	mars-02	1	DU	M	F
t(17;18)(q21;q11)	mars-02	2	P	M	F
t(5;9)(p11;p24)	mai-02	2	LF	M	F
t(3;16)(q23;q22)	mai-02	1 + fentes palatines	X	M	F
inv(8)(p11;q25)	juin-02	2	LW	M	F
t(2;8)(p11;p13)	juin-02		LW	F	F
t(7;12)(q11;p15)	juil-02	2	P	M	F
inv(1)(p24;q29)	sept-02	2	LF	M	F
t(7;9)(q15;q15)	sept-02	2	LW	M	F
t(17;18)(q21;q11)	sept-02	2	P	M	F
t(6;13)(p13;q49)	oct-02	2	LW	M	F
inv(2)(p11;q21)	oct-02	2	P	M	F
t(5;9)(q21;p13)	nov-02	2	LF	M	F
t(4;5)(p13;q21)	nov-02	1	X	M	F
t(2;8)(p11;p13)	nov-02	2	LW	M	F
t(12;14)(q15;q13)	janv-03	2	P	M	F
t(9;17)(p24;q23)	janv-03	2	X	M	F
t(14;16)(q13;q21)	févr-03	2	P	M	F
t(4;12)(q21;q13)	mars-03	protocole recherche	X	M	F
t(7;9)(q11;q26)	avr-03	2	LW	M	F
t(13;16)(q41;q21)	mai-03	1	np	M	NL
t(1;13)(q27;q41)	juin-03	1	DU	M	NL
t(7;14)(q26;q25)	juil-03	1	np	M	NL
t(7;10)(q13;q11)	oct-03	1	np	M	NL
t(9;14)(p24;q15)	janv-04	2	LS	M	F
t(13;15)(q31;q26)	févr-04	2	P	M	F
inv(8)(p21;q11)	févr-04	2	P	M	F
t(1;11)(q11;q11)	mars-04	2	P	M	F
t(4;13)(p15;q41)	avr-04	1	np	M	NL
t(1;17)(p11;q11)	mai-04	1	P	M	NL
t(8;12)(p11;p11)	mai-04	1	np	M	NL
t(11;17)(p13;q21)	mai-04		SE	F	F
t(10;13)(q13;q22)	juin-04	1	LS	M	NL
t(5;7)(q23;p11)	oct-04		SE	F	F
t(2;9)(q13;q24)	oct-04	2	LW	M	F
inv(6)(p14;q12)	oct-04		SE	F	F
t(14;15)(q28;q13)	nov-04		SE	F	F
t(2;16)(q28;q21)	janv-05	2	SE	M	F
t(4;15)(q25;q11)	mars-05	2	LF	M	F
t(10;17)(q11;q21)	mai-05	1	np	M	NL
t(1;15)(q17;q22)	juin-05	1	LS	M	NL
t(7;14)(q15;q27)	juin-05	1	X	M	F
t(10;18)(p11;q24) + t(6;8)(p15;q27)	août-05	2	P	M	F
der(14;15)(q10;q10) = rob(14;15)	août-05	2	LF	M	F
t(4;16)(q25;q21)	sept-05	1	LS	M	NL
inv(1)(q18;q24)	oct-05	2	LW	M	F
inv(2)(p13;q12) + t(13;14)(q31;q21)	oct-05	2	LS	M	F
t(10;11)(q16;q13)	déc-05	2	P	M	F
t(2;17)(p12;q14)	déc-05		DU	F	F
t(10;17)(q11;q21)	janv-06	2	LW	M	NL
t(3;8)(q25;p21)	janv-06	np	LS	M	F
t(2;14)(p15;q26)	janv-06		X	F	F
inv(2)(q13;q25)	janv-06	2	DU	M	NL
t(Y;14)(q10;q11)	janv-06	2	DU	M	F
t(1;11)(q24;p13)	févr-06	1	np	M	SP
t(14;15)(q28;q13)	févr-06	1	np	M	D
t(2;15)(q28;q24)	févr-06	1	np	M	D
t(9;11)(q14;p13)	mai-06		MS	F	F
t(1;7)(q17;q13)	juil-06	1	np	M	NL
t(2;14)(q21;q24)	juil-06	1	np	M	NL

* : t = translocation réciproque ; inv = inversion ; rob = translocation robertsonienne

** : 1) verrat h ypoprolifique ou issu de petite portée, 2) verrat contrôlé avant mise à la reproduction, np = non précisé

*** : LW = Large White, LF = Landrace Français, P = Piétrain, LS = Lignée Synthétique, DU = Duroc, MS = Meishan, SE = sino européen, X = croisé, np = non précisé

