

Analyse de la variabilité génétique de populations porcines espagnoles et françaises à partir de données de contrôle de filiation

Simon BOITARD (1), Magali SANCRISTOBAL (1), Claude CHEVALET (1), Neus TORRENTO (2), Jean-Claude MERIAUX (3), Joaquim CASELLAS (2), Armand SANCHEZ (4), Marie-José MERCAT (5), Joan TIBAU (2)

(1) INRA, UMR444 Laboratoire de génétique cellulaire, BP 52627, 31326 Castanet Tolosan cedex, France

(2) IRTA-CAP, Monells 17121 (Girona) Catalunya, España

(3) LABOGENA, Domaine de Vilvert, 78352 Jouy-en-Josas cedex, France

(4) SVGM, Facultat de Veterinaria UAB, Bellaterra, (Barcelona) Catalunya, España.

(5) IFIP - Institut du porc, La Motte au Vicomte, BP 35104, 35651 Le Rheu cedex, France

simon.boitard@toulouse.inra.fr

Avec la collaboration technique de T. Pantano(3), M. Tulsa (2) et A. Mercadé (4)

Analysis of genetic variability of Spanish and French pig populations from paternity test data

Purebred males of the Spanish and French populations of this study are quasi systematically subjected to paternity control. Ten microsatellite markers are in common between analyses realised in Spain and France. After the adjustment of allele sizes, it is possible to merge the two data sets, representing most of pure bred Duroc, Landrace, Large White and Piétrain boars in both countries. The genetic diversity analysis of these pig populations is presented, as well as the assignment of an individual to its breed. The population structure is identical to that observed in previous studies, with a clear clustering of populations within main breeds. The 10 microsatellites ensure a powerful detection of the breed of origin with a rate of assignment of 95-99%. Moreover, outlier animals can be detected with these approaches.

INTRODUCTION

Cette étude porte sur des populations porcines espagnoles et françaises pour lesquelles un contrôle de filiation est pratiqué de manière systématique sur les verrats. Les objectifs sont : (i) d'étudier les fréquences des 10 marqueurs communs aux analyses espagnoles et françaises dans les différentes populations concernées; (ii) d'appréhender la variabilité génétique intra et inter populations; (iii) de détecter des animaux originaux et (iv) d'assigner un animal à une race, voire à une population.

1. MATÉRIELS ET MÉTHODES

1.1. Données

Les données étudiées comprennent 1 315 contrôles de filiation réalisés en Espagne et 3 545 contrôles de filiation réalisés en France. Les animaux provenaient des 11 populations suivantes codifiées selon leurs pays et races d'origine : Duroc Nucleus (FRDU1), Duroc Gene+ (FRDU2), DRB (FRDU3), Duroc espagnol (ESDU), Landrace français (FRLR), Landrace espagnol (ESLR),

Large White français lignée femelle (FRLW1), Large White français lignée mâle (FRLW2), Large White espagnol (ESLW), Piétrain français (FRPI) et Piétrain espagnol (ESPI). Notons que le DRB n'est pas à proprement parler une population Duroc, mais une lignée composite créée par absorption de Duroc sur du Large White et du Landrace. Dix marqueurs microsatellites utilisés en contrôle de filiation sont communs à la France et à l'Espagne : S0155, SW240, SW911, SW951, S0090, SW936, SW857, SW24, S0101 et S0355. Pour harmoniser le codage des allèles, 20 échantillons communs ont été génotypés dans chacun des deux pays.

1.2. Analyses

Pour chaque population, l'hétérozygotie moyenne a été calculée sans biais selon Nei (1973). La variabilité intra et inter populations a été quantifiée via la matrice des similarités ou diversités géniques de Nei (1973). Des tests d'équilibre de Hardy-Weinberg ont été effectués pour tester l'hypothèse de panmixie (accouplements au hasard). La significativité de ces tests a été évaluée par permutations. La puissance du dispositif (ces 10 microsatellites, ces 4 races) pour l'assignation d'un individu à sa race d'appartenance a été évaluée par maximum de vraisemblance (Chevalet, non publié), en autorisant un taux d'erreur de typage.

2. RESULTATS

La structure des populations est identique à celle observée sur ce type de populations dans le projet européen PigBioDiv qui mettait en œuvre une cinquantaine de microsatellites (SanCristobal et al., 2006), dont ceux de la présente étude. La matrice des diversités géniques de Nei (Figure 1) montre un regroupement clair des populations par race. Sur cette dernière, on peut voir aussi une plus grande diversité des Large White (bloc plus clair), et une moindre diversité des Duroc (couleur très foncée). L'hétérozygotie moyenne (sur les 10 locus) se situe entre 0,64 et 0,67 pour les populations Large White, alors qu'elle est de 0,56 pour FRDU1, FRDU2 et ESDU. Cette moindre diversité observée dans les populations Duroc s'explique par le faible nombre d'individus fondateurs, issus des mêmes origines. Ce phénomène se retrouve de façon moins marquée chez les Piétrains, avec l'importation d'animaux allemands et belges en Espagne comme en France. Comme on pouvait s'y attendre, la population FRDU3 est atypique par rapport aux autres populations Duroc, et présente des similarités avec les populations Landrace et Large White. Sa variabilité intra population est incontestablement supérieure aux autres populations Duroc (hétérozygotie moyenne de 0,66). Plusieurs populations (FRDU1, ESDU, ESLR, FRLW1, ESLW, FRPI, ESPI) présentent un écart très significatif à l'équilibre de Hardy Weinberg, qui traduit la présence d'une structure interne à ces populations. Pour les populations espagnoles, ceci peut s'expliquer par l'existence de plusieurs élevages quasi indépendants. Le taux d'assignation aux

4 races est élevé, de 96 % pour les Duroc à 99 % pour les Piétrain. Quand les 11 populations sont considérées, le taux de réussite de l'assignation varie entre 45 % et 94 %. Cette difficulté à différencier correctement les populations espagnoles des populations françaises peut s'expliquer par le processus d'importation, continu sur plusieurs années, d'animaux d'origines communes.

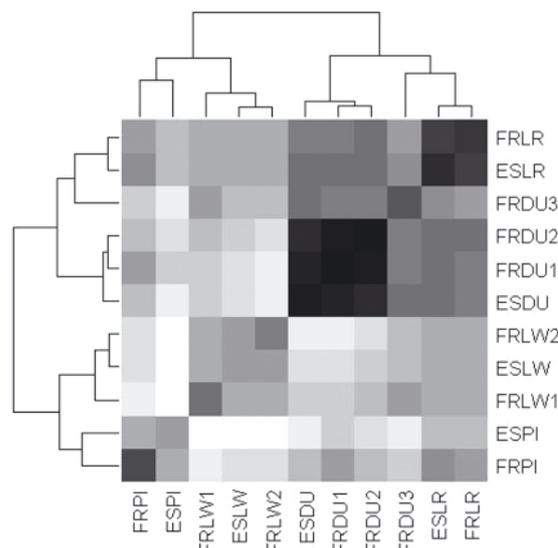


Figure 1 - Diversités géniques de Nei ou similarités entre populations. Les similarités sont d'autant plus grandes que la couleur est plus foncée.

CONCLUSION

Les 10 marqueurs microsatellites communs entre la France et l'Espagne et utilisés en contrôle de filiation permettent de différencier correctement les 4 races les plus couramment utilisées : Duroc, Landrace, Large White et Piétrain. Sur leur base, le taux d'assignation d'un animal à l'une de ces 4 races s'élève à 95 % minimum. Ceci est dû au fort polymorphisme des microsatellites utilisés, à une grande proximité des populations relevant d'une même race et à une bonne différenciation des 4 races entre elles. En pratique, les génotypes atypiques peuvent aisément être pointés et de possibles erreurs techniques lors de la réalisation des analyses (échange de tube) identifiées.

REMERCIEMENTS

Nous remercions les OSP membres de BIOPORC (ADN, NUCLEUS et GENE+) et l'Asociación Nacional de Criadores de Ganado Porcino Selecto pour la mise à disposition de leurs données ainsi que les techniciens de Labogena et du Service Vétérinaire de Génétique Moléculaire de l'Université Autonome de Barcelone pour la réalisation des analyses.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Nei M., 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 70, 3321-3323.
- SanCristobal M., Chevalet C., Haley C.S. et al., 2006. Genetic diversity within and between European pig breeds using microsatellite markers. Anim. Genet., 37, 189-198.