

# Caractérisation génomique des races locales porcines et de leurs semences stockées dans la Cryobanque Nationale

Marie-José MERCAT (1), Yann LABRUNE (2), Katia FEVE (2), Stéphane FERCHAUD (3), Herveline LENOIR (1), Juliette RIQUET (2)

(1) IFIP-Institut du Porc, La Motte au Vicomte, BP 35104, 35651 Le Rheu, France

(2) GenPhySE, université de Toulouse, INRAE, ENVT, Castanet-Tolosan, France

(3) INRAE GenESI, Venours, 86480 Rouillé, France

[marie-jose.mercat@ifip.asso.fr](mailto:marie-jose.mercat@ifip.asso.fr)

Avec la collaboration des organisations de races membres du LIGERAL

## Caractérisation génomique des races locales porcines et de leurs semences stockées dans la Cryobanque Nationale

Des semences de races locales porcines sont conservées dans la Cryobanque Nationale (CBN) sous forme de pellets (59 verrats) ou de paillettes (78 verrats). Elles ont vocation à servir aux programmes de conservation. Une caractérisation génomique des collections de la CBN d'une part et d'animaux récents (240 animaux) d'autre part est réalisée par génotypage (puce 70K). Les races Basque, Gascon, Cul Noir Limousin, Porc de Bayeux, Porc Blanc de l'Ouest et Nustrale sont ainsi étudiées sur trois périodes : années de naissance moyennes 1986 (pellets), 1998 (paillettes) et 2014 (animaux récents). L'analyse multidimensionnelle des données de génotypage montre un regroupement des animaux par race. Quelques erreurs de traçabilité des semences les plus anciennes (pellets) sont décelées. L'apparentement génomique moyen entre les animaux d'une même race est le plus faible en race Nustrale et le plus élevé en race Basque. Dans les échantillonnages d'animaux récents, l'absence de certains allèles trouvés dans l'ADN des semences plus anciennes souligne l'intérêt de la CBN. L'évolution dans le temps du statut halothane des races locales diffère en fonction des pratiques régulières ou non de génotypage. Enfin, la consanguinité génomique ( $F_{ROH}$ ) des animaux, définie comme la proportion de génome dans des segments chromosomiques homozygotes, est estimée. La race Bayeux, considérée comme la plus consanguine sur la base des pedigrees, se positionne dans une situation plus favorable que les races Basque et Cul Noir Limousin au niveau génomique. Des valeurs de  $F_{ROH}$  supérieures à 0,22 semblent associées à des échecs de reproduction plus fréquents avec les semences de la CBN. Grâce à cette caractérisation, le choix des semences de la CBN à utiliser peut désormais reposer sur de nouveaux critères génomiques.

## Genomic characterisation of local pig breeds and of their semen stocked in the national gene bank

Local pig breed semen is maintained in a National Gene Bank (NGB) in pellets (59 boars) or straws (78 boars) to be used in preservation programs. A genomic characterisation both of the NGB collections and of recent animals (240 animals) has been performed through genotyping (70K chip). The Basque, Gascon, Cul Noir Limousin, Porc de Bayeux, Porc Blanc de l'Ouest and Nustrale breeds were thus studied for three average birth periods: 1986 (pellets), 1998 (straws) and 2014 (recent animals). Multidimensional analysis of genotyping data shows a clustering of animals by breed. Some traceability errors were detected with the oldest semen (pellets). Average genomic relatedness between animals of the same breed was the lowest in the Nustrale and highest in the Basque breed. Some of the alleles found on NGB semen DNA were no longer present in the recent animal samples, stressing the value of the NGB. Over time evolution of the halothane status of the breeds differs according to the regular genotyping practise. Lastly, genomic inbreeding ( $F_{ROH}$ ), defined as the proportion of the genome in homozygote chromosomal segments, was estimated. The Bayeux breed, which is viewed as the most inbred based on pedigrees, is in a more favourable position than the Basque and the Cul Noir Limousin breeds at the genomic level.  $F_{ROH}$  values greater than 0.22 seemed to be associated with more frequent reproductive failure when using NGB semen. Because of this characterisation, the use of NGB semen can now rely on new genomic criteria.

## INTRODUCTION

Les programmes de conservation des six races locales porcines françaises reposent sur une gestion rigoureuse des accouplements pour préserver leur variabilité génétique. Il s'agit notamment d'estimer l'apparentement entre reproducteurs pour limiter l'augmentation de la consanguinité. En effet, les risques associés aux allèles récessifs délétères augmentent avec la consanguinité (Ceballos *et al.*, 2018). Cette dernière peut aussi entraîner une dégradation de l'expression de caractères comme la fertilité (dépression de consanguinité). Dans ces populations issues d'un très faible nombre de fondateurs (Maignel et Labroue, 2001), les semences conservées en Cryobanque Nationale (CBN) peuvent pleinement contribuer au maintien des ressources génétiques *in vivo*. C'est pourquoi une caractérisation génomique des verrats dont la semence est conservée en CBN et d'animaux récents est réalisée par des génotypages de haute densité (près de 70 000 marqueurs) dans le cadre du projet Caraloporc (2015-2017) financé par le projet d'investissement d'avenir CRB-Anim (ANR 11-INBS-0003). L'objectif est notamment de faciliter le choix des semences stockées dans la CBN pour utiliser en priorité celles issues des animaux les moins consanguins (Peripolli *et al.*, 2016), ou porteurs d'allèles originaux, ou peu apparentés aux femelles actives dans les élevages.

Les analyses moléculaires permettent d'évaluer la consanguinité génomique des animaux à partir de l'homozygotie observée. Elles ne sont pas impactées par une connaissance incomplète des pedigrees, qui se traduit par une sous-estimation de la consanguinité estimée à partir de l'information généalogique. Les consanguinités génomiques sont ainsi plus fiables que les méthodes basées sur les généalogies, qui estiment des consanguinités attendues (Ceballos *et al.*, 2018, Peripolli *et al.*, 2016). L'approche choisie ici repose sur l'analyse des ROH (« Runs of Homozygosity »). Les ROH sont des régions continues du génome pour lesquelles un individu est homozygote en tous les sites (Ceballos *et al.*, 2018). Cela traduit la présence d'ancêtres communs dans la généalogie des parents de l'individu. En outre, les allèles délétères sont plus fréquents dans les régions ROH en raison de l'augmentation de l'homozygotie autour des locus sélectionnés (Peripolli *et al.*, 2016). Une des méthodes d'étude des ROH consiste à déplacer une fenêtre de taille fixe le long du génome à la recherche de SNP consécutifs homozygotes. Un segment homozygote est considéré comme ROH si sa taille et/ou le nombre de SNP consécutifs homozygotes qu'il comporte dépasse des valeurs seuils (Curik *et al.*, 2014).

La proportion de génome dans des ROH ( $F_{ROH}$  appelée ici consanguinité génomique) des animaux de l'étude a été estimée pour les classer intra race : les animaux avec les  $F_{ROH}$  les plus élevées présentent une moindre diversité génétique. Les éleveurs de races locales disposent ainsi d'éléments de décision objectifs pour privilégier l'utilisation ou la réforme de certains reproducteurs. Des recommandations de génotypages complémentaires sont également faites pour la décongélation de certaines semences de la CBN.

## 1. MATERIEL ET METHODES

### 1.1. Animaux, ADN et génotypage

Au total, 377 porcs des six races locales françaises ont été étudiés (Tableau 1) : Basque (BAS), Bayeux (BAY), Gascon (GAS), Limousin (LIM), Nustrale (NUS) et Porc Blanc de l'Ouest (PBO). Parmi eux, 137 ont fourni de la semence congelée stockée en CBN sous forme de pellets (Pel) ou de paillettes (Pai). En moyenne, douze ans séparent les verrats avec de la semence congelée Pel de ceux avec de la semence congelée Pai (années de naissance moyennes : respectivement 1986 et 1998). Des animaux récents, nés en moyenne en 2014, ont également été inclus dans l'analyse. Douze d'entre eux viennent d'Espagne (Esp) à la suite de l'exportation de reproducteurs basques en 1997, puis en 2009. L'ADN a été extrait des semences de la CBN ou bien à partir de prélèvements de sang ou de cartilage d'oreille. Les animaux ont été génotypés sur la puce GeneSeek® Genomic Profiler (GGP) 70 K HD Porcine chip (Illumina Inc, USA) comportant 68 516 polymorphismes SNP, dont la mutation dans le gène halothane. L'analyse a été restreinte à 33 887 SNP présents sur les autosomes ayant moins de 5% de génotypes manquants et une fréquence de l'allèle minoritaire supérieure à 0,05, toutes populations confondues. Deux cent quatre-vingt-six analyses ont été réalisées spécifiquement pour le projet Caraloporc. Les génotypes des 87 animaux récents gascons et basques ont été obtenus dans le cadre du programme européen TREASURE (Muñoz *et al.*, 2019).

Entre 2001 et 2016, 42 femelles ont été inséminées en race pure avec les semences de la CBN. Certaines ont été ré-inséminées après un retour en chaleur. Le mode opératoire est décrit par Mercat *et al.* (2008) : deux doses de semence par cycle ont été utilisées, sauf pour huit femelles basques, pour lesquelles une seule dose a été inséminée après injection de PORCEPTAL® (10 µg de buséréline) pour induire l'ovulation. Au total 60 cycles d'insémination ont été pratiqués : entre 11 et 13 par race en BAS, BAY, GAS, LIM et PBO.

**Tableau 1** : Effectifs des animaux et années de naissance moyennes par race et type de matériel

Race	Pellets	Paillettes	Récents	Espagnols	Total
BASQUE	12	15	39	12	78
BAYEUX	7	13	28		48
GASCON	13	14	48		75
LIMOUSIN	14	17	34		65
NUSTRALE			37		37
PBO	13	19	42		74
Années de naissance	1986 [1979-1994]	1998 [1994-2014]	2014 [2009-2017]		

## 1.2. Analyse des données

Les données de génotypage ont été analysées avec le logiciel PLINK 1.9 : fonctions MDS (positionnement multidimensionnel) pour représenter les regroupements d'animaux, ibs-matrix (identité par état) pour les matrices de distances IBS entre individus et homozyg pour l'étude des ROH. Nous avons fixé la taille de la fenêtre glissante à 50 SNP et 5000 kb, autorisé un SNP non génotypé et un SNP hétérozygote par fenêtre. Pour être considérée comme ROH, une région doit également avoir une densité minimale d'un SNP pour 100 Kb et une distance maximale entre deux SNP consécutifs de 1000 kb. Les positions des SNP sur le génome sont basées sur l'assemblage 11.1 du génome porcine. La consanguinité génomique (Curik *et al.*, 2014) des animaux ( $F_{ROH}$ ) a été définie comme la somme de la taille des segments ROH divisée par la taille du génome autosome (2,5 Gb). Les coefficients de consanguinité basés sur les pedigrees ( $F_{ped}$ ) ont été estimés avec le programme parente de la suite PEDIG (Boichard, 2002).

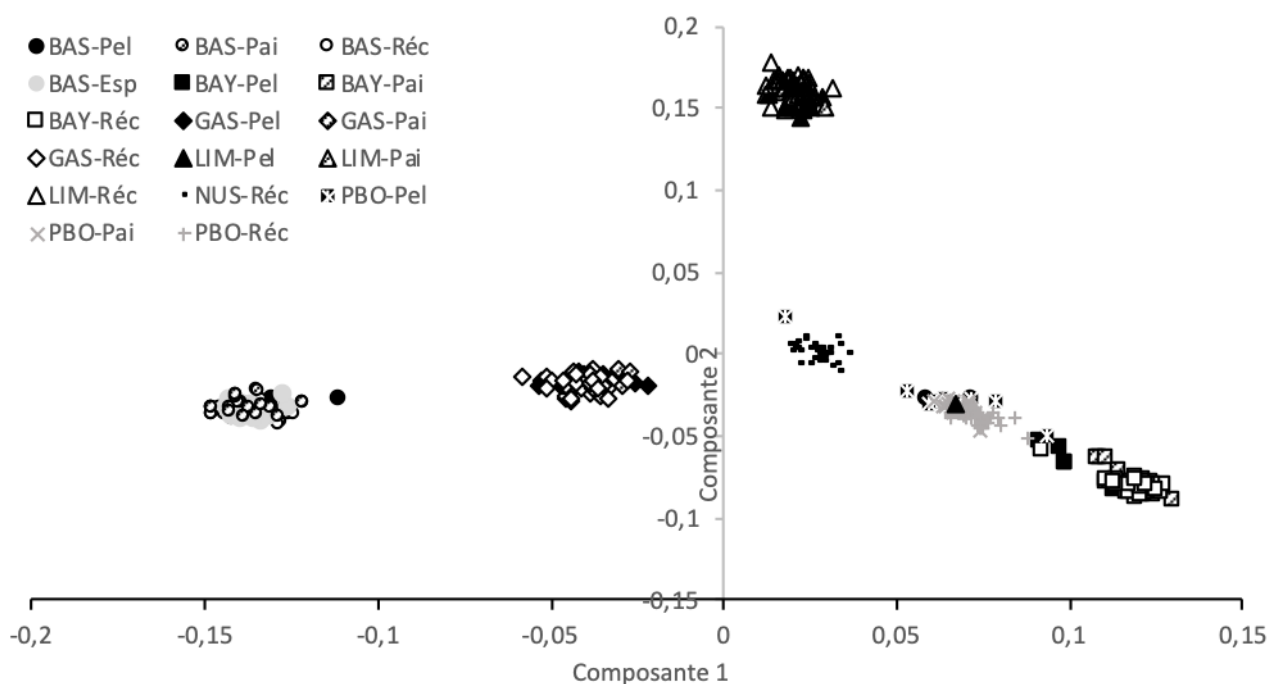


Figure 1 – Regroupement des données de génotypage par race et type de matériel

Sur les 33 887 SNP gardés dans l'analyse, entre 23 674 (en BAS) et 31 385 (en PBO) par race sont en ségrégation, c'est-à-dire ont deux allèles représentés, chez les verrats de la CBN (Pel plus Pai). Les animaux récents de l'étude présentent une perte de polymorphisme pour une proportion de SNP comprise entre 2,7% (795 SNP) en GAS et 8,7% (2 719 SNP) en PBO. Cela traduit une probable perte d'allèles dans les populations sur pied, qui pourrait être corrigée par l'utilisation des semences de la CBN.

L'analyse MDS des données de génotypage des 373 porcs (Figure 1) montre un regroupement clair des animaux par race. Les animaux les plus anciens (Pel) se situent parfois en périphérie des nuages de points, ce qui traduit une certaine évolution dans le temps des populations. C'est le cas notamment pour les verrats gascons, mais surtout PBO et Bayeux. La proximité des nuages PBO et Bayeux n'est pas surprenante car la race Bayeux est issue du croisement entre les races PBO et Berkshire. Quelques croisements, dits « de

L'effet de  $F_{ROH}$  sur le succès ou l'échec d'insémination a été analysé par un test du Khi-2 avec la procédure LOGISTIC du logiciel SAS en considérant deux classes de  $F_{ROH}$  :  $F_{ROH} < 0,22$  et  $F_{ROH} \geq 0,22$  (valeur minimale de  $F_{ROH}$  des verrats de race Basque dont la semence a été décongelée).

## 2. RESULTATS ET DISCUSSION

### 2.1. Caractérisation génétique

Quatre verrats avec de la semence Pel n'ont pas été analysés faute de qualité d'ADN suffisante : un Basque, un Limousin, un Gascon et un Bayeux. La qualité des autres échantillons était bonne, comme en témoigne le taux de génotypes manquants de moins de 2 % pour les 286 analyses réalisées spécifiquement pour Caraloporc. Au total, l'étude repose donc sur 373 échantillons génotypés, dont 133 issus de verrats de la CBN. Ainsi, le génome de la grande majorité des verrats de races locales de la CBN a été caractérisé.

métissage », entre des verrats Berkshire et des femelles PBO ont d'ailleurs été réalisés à la fin des années 1980 dans l'objectif d'introduire un peu de variabilité dans la race Bayeux, considérée très consanguine. Après cinq croisements en retour avec des verrats Bayeux, les descendants femelles sont entrés au livre généalogique Bayeux. Par la suite, quelques croisements avec des PBO, dits « croisements de retrempe », ont également été faits. Une majorité des verrats anciens (Pel) PBO et Bayeux se trouvent ainsi dans une zone intermédiaire entre les nuages de points PBO et Bayeux. Un verrat récent, déclaré Bayeux dans l'inventaire de la CBN, est également dans cette zone ; en fait, seule sa mère est de race Bayeux alors que son père est PBO.

Sur la figure 1, quatre verrats anciens (semences Pel) sortent nettement des nuages de leurs races : un verrat PBO n'est rattaché à aucun nuage de points tandis que deux verrats basques et un verrat limousin sont placés au cœur du nuage de points PBO. Pour le verrat limousin et un des verrats

basques, une distance IBS de 1 est calculée avec des verrats PBO. Il s'agit donc d'échantillons PBO dupliqués dans notre jeu de données, dont l'origine s'explique probablement par une traçabilité imparfaite des semences les plus anciennes (Pel) de la CBN. La décongélation de semence du verrat limousin en question avait donné naissance à une portée de phénotype atypique (porcelets blancs). Cette anomalie avait d'ailleurs suscité ce projet de caractérisation des semences de la CBN. Les distances IBS montrent également une duplication d'un échantillon Bayeux avec une distance égale à 1 pour deux animaux sans lien de gémellité attendu. Aucune duplication d'échantillon n'a été identifiée pour les deux autres verrats atypiques Pel précédemment mentionnés. Par contre, l'ajout de données de génotypes d'animaux d'autres populations permet de localiser le verrat PBO atypique au cœur d'un nuage de points constitué d'animaux Meishan (données non montrées). Des verrats PBO et Meishan ont effectivement cohabité dans le centre de collecte. Au total, cinq anomalies de traçabilité ont été détectées grâce aux génotypes réalisés et quatre échantillons de qualité insuffisante n'ont pas été génotypés. Toutes les anomalies concernent les semences les plus anciennes congelées en pellets (verrats nés entre 1980 et 1987). Cela représente un taux d'erreur de 10%. Ce résultat milite pour prélever et génotyper systématiquement un pellet avant toute insémination de truies avec des semences Pel de la CBN.

Il conviendrait également de génotyper pour le gène halothane les issus de certains verrats de la CBN. La caractérisation génétique pratiquée dans cette étude a en effet montré plusieurs animaux porteurs de l'allèle *n* de sensibilité au stress dans les races Bayeux, PBO, Limousin, Nustrale et Gascon. Dans ces deux dernières races, ce résultat n'était pas attendu. En Gascon, les quelques animaux porteurs pourraient s'expliquer par des verrats Miellan, des croisés Craonnais (une des souches à l'origine du PBO) x Gascon, utilisés faute de verrats de race pure disponibles dans les

années 1960 (Michel Luquet, communication personnelle). L'absence d'animaux PBO récents porteurs de l'allèle *n* démontre l'efficacité de la politique d'élimination progressive de cet allèle menée depuis plusieurs années dans cette race. En Bayeux, les génotypes halothane ont été interrompus en l'absence de financement.

La distance IBS (en d'autres termes l'apparement génomique) moyenne la plus faible entre individus d'une même race est observée entre les animaux récents Nustrale : 0,716 (résultats non montrés). Dans cette race, il n'y a pas de semence stockée en CBN car il n'y a pas de centre de collecte de semence agréé en Corse et l'introduction d'animaux corses en métropole n'est pas autorisée en raison du statut sanitaire de l'île. A l'inverse, c'est dans la race Basque que l'apparement génomique entre individus est le plus élevé : distance IBS comprise entre 0,812 et 0,844 pour les animaux français (Tableau 2). Les reproducteurs espagnols récents étudiés sont aussi très apparementés aux animaux français (distances IBS >0,81). Ce résultat est en faveur de l'intégration des animaux espagnols au livre généalogique français (LIGERAL) comme la filière Porc Basque Kintoa l'envisage. Des génotypes complémentaires seraient toutefois recommandés car l'échantillonnage ne porte que sur 12 reproducteurs espagnols alors que les éleveurs espagnols détiennent au total une centaine de femelles de type basque. Dans chaque race, les individus sont plus apparementés entre eux au niveau génomique intra type de matériel (Pel, Pai ou Réc) qu'entre types de matériel. En cohérence avec le regroupement des individus par race observé sur la figure 1, les distances IBS moyennes entre races sont plus faibles qu'intra race (données non montrées). Avec des distances IBS inférieures à 0,66, les races Limousin et Bayeux sont les plus éloignées. A l'inverse les races ibériques Basque et Gascon et les races Bayeux et PBO sont les plus proches (distances IBS moyennes supérieures à 0,69).

**Tableau 2** - Distance IBS (apparement génomique) entre individus de race Basque par type de matériel

Matériel	Pellets	Paillettes	Récents	Espagnols
Pellets	<b>0,838</b>			
Paillettes	0,824	<b>0,844</b>		
Récents	0,812	0,818	<b>0,823</b>	
Espagnols	0,812	0,816	0,813	<b>0,835</b>

## 2.2. Etude de la consanguinité

Le nombre de fondateurs à l'origine des races locales ne dépasse pas quelques dizaines d'animaux, en dehors du PBO qui était largement représenté dans les années 1960 (Maignel et Labroue, 2001). Cela explique les taux de consanguinité élevés habituellement décrits pour ces races (Lenoir, 2015) et estimés sur la base des pedigrees ( $F_{ped}$ ).  $F_{ped}$  se définit comme la probabilité pour que, en un locus pris au hasard chez un individu, les deux allèles soient identiques par descendance, c'est-à-dire qu'ils proviennent de la copie d'un même allèle présent chez un ancêtre commun au père et à la mère de l'animal. La consanguinité moyenne des animaux récents de l'étude évaluée sur les pedigrees (Tableau 3) est conforme à celle habituellement estimée sur un plus grand nombre d'animaux (Lenoir, 2015). Elle est la plus faible en PBO et en Nustrale (respectivement 0,093 et 0,108) et la plus élevée en Bayeux (0,221). Ce mode d'estimation de la consanguinité  $F_{ped}$  ne permet pas de différencier deux animaux d'une même

portée qui n'ont pourtant pas le même génome en raison de recombinaisons génétiques. Il fait par ailleurs abstraction de l'apparement potentiel entre fondateurs (animaux sans parents connus). Les informations moléculaires donnent donc une image plus fine de la consanguinité. Elles prennent également en considération l'apparement très ancien contrairement aux pedigrees (Peripolli *et al.*, 2016). Dans cette étude, le classement de la consanguinité des races sur la base des ROH diffère de celui estimé à partir des pedigrees. La race Nustrale présente le  $F_{ROH}$  moyen le plus faible suivi par la race PBO. Le positionnement relatif de la race Bayeux, basé sur  $F_{ROH}$  est plus favorable que celui basé sur  $F_{ped}$ , en particulier pour les semences les plus anciennes (Pel). Les croisements de métissage et de retrempe précédemment mentionnés expliquent probablement une homozygotie observée plus faible que celle attendue sur pedigree. A l'inverse, la race Basque affiche les  $F_{ROH}$  les plus élevés alors qu'elle se place en position intermédiaire sur la base des pedigrees.

C'est dans cette race que le nombre de fondateurs retrouvés au début du programme de conservation était le plus faible (Maignel et Labroue, 2001). Les valeurs de  $F_{ROH}$  trouvées dans cette étude et principalement dans la race Basque sont globalement plus élevées que celles rapportées par Curik *et al.* (2014) chez le porc, le bovin et l'homme. Cependant, Saura *et al.* (2015) rapportent des valeurs encore plus élevées (0,32) pour une ancienne souche Ibérique (Guadyerbas). Une partie des différences entre études pourrait venir du nombre de SNP analysés ou des paramètres choisis pour définir un segment ROH. Il n'existe en effet pas de consensus à ce sujet (Peripolli

*et al.*, 2016). En particulier, Bosse *et al.* (2012) montrent qu'une puce 60K sous-estime la taille cumulée de ROH par rapport à des données de séquence mais permet de détecter les ROH supérieurs à 5000 kb (la taille de fenêtre choisie dans cette étude). Quelques autres jeux de paramètres ont été testés (données non montrées) sans affecter significativement le classement des animaux. Si la valeur absolue de la consanguinité génomique estimée dans cette étude ne reflète peut-être pas l'intégralité du génome des animaux, l'analyse réalisée permet certainement de repérer les animaux extrêmes.

**Tableau 3** - Consanguinités moyennes sur pedigrees ( $F_{ped}$ ) ou ROH ( $F_{ROH}$ ) exprimées en pourcentage

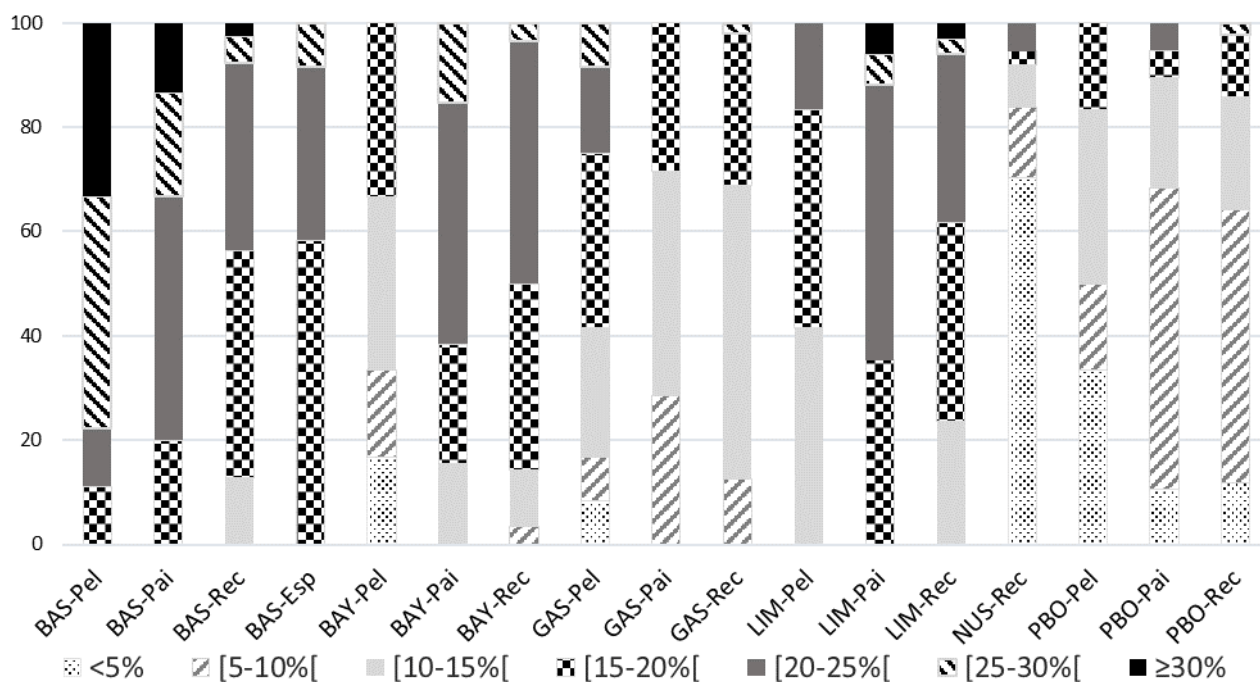
	Race	BASQUE	BAYEUX	GASCON	LIMOUSIN	NUSTRALE	PBO
$F_{ped}$	Pellets	10,9 (7,8)	5,8 (6,6)	5,4 (4,3)	8,3 (3,3)	-	2,1 (2,5)
	Paillettes	13,0 (2,5)	16,9 (4,3)	7,6 (1,0)	16,9 (7,7)	-	7,9 (5,6)
	Récents	12,9 (0,6)	22,1 (1,5)	11,3 (4,6)	16,3 (5,1)	10,8 (11,3)	9,3 (1,2)
	Espagnols	9,2 (0,7)	-	-	-	-	-
$F_{ROH}$	Pellets	27,9 (5,6)	13,0 (5,6)	15,3 (6,9)	15,6 (3,4)	-	9,0 (5,4)
	Paillettes	23,7 (3,8)	20,8 (5,5)	12,6 (3,3)	21,6 (5,1)	-	9,6 (5,1)
	Récents	19,8 (4,0)	18,8 (4,5)	13,8 (3,6)	19,0 (6,0)	4,9 (5,9)	9,7 (4,9)
	Espagnols	19,9 (3,0)	-	-	-	-	-

Entre parenthèses les écarts-types

Le coefficient de corrélation  $r$  entre  $F_{ped}$  et  $F_{ROH}$  n'est que de 0,4 sur l'ensemble du jeu de données. Ce chiffre est du même ordre de grandeur que celui estimé en Large White par Zanella *et al.* (2016), qui rapportent par ailleurs une corrélation beaucoup plus faible en Landrace. Par contre, les corrélations entre  $F_{ped}$  et  $F_{ROH}$  de la présente étude sont plus faibles que celles publiées par Saura *et al.*, 2015 (0,6) ou Sileo *et al.* (2013) (0,81 à 0,92) sur des données avec une large variance de  $F_{ped}$ . En outre, Sileo *et al.* (2013) rapportent les faibles corrélations décrites dans la bibliographie en présence de

pedigrees incomplets ou pour des  $F_{ROH}$  calculés sur peu de SNP. Dans notre étude, il faut souligner l'absence de fiabilité des coefficients  $F_{ped}$  pour le matériel en Pel et les animaux espagnols, faute de profondeur de pedigree suffisante.

La variance de  $F_{ped}$  est également souvent faible sur le matériel récent (Tableau 3). Ainsi, le coefficient de corrélation  $r$  entre  $F_{ped}$  et  $F_{ROH}$  est de 0,74 si l'on ne considère que le matériel en paillettes sans les animaux gascons pour lesquels  $F_{ped}$  est peu variable.



**Figure 2** - Répartition des animaux par classe de  $F_{ROH}$  en fonction de leur race et du type de matériel

Les moyennes de  $F_{ROH}$  par race cachent une diversité entre animaux d'une même race et d'un même type de matériel, comme le montre la figure 2. Ainsi, bien que la valeur moyenne de  $F_{ROH}$  des animaux récents soit inférieure à 0,05 en Nustrale, quelques animaux sont très consanguins ( $F_{ROH} > 0,2$ ). A l'inverse, quelques animaux basques récents ont des  $F_{ROH}$  inférieurs à 0,15. Les  $F_{ROH}$  peuvent être mis en relation avec les résultats variables des inséminations pratiquées jusqu'ici avec des semences de la CBN. Des difficultés ont déjà été décrites en Bayeux (Mercat *et al.*, 2008). Depuis, aucune gestation n'a été obtenue pour 12 cycles d'insémination en Basque. Les  $F_{ROH}$  des verrats concernés dépassaient tous 0,22. A l'inverse, sept femelles PBO sur 11 inséminées avec des semences de la CBN ont été gestantes : les verrats utilisés avaient des  $F_{ROH}$  beaucoup plus faibles (maximum 0,11). Toutes races locales porcines confondues, un effet significatif ( $P=0,015$ ) défavorable de la classe de  $F_{ROH}$  supérieure à 0,22 a été mis en évidence dans l'étude. Si la fertilité est un caractère souvent cité comme étant affecté par la consanguinité, il convient toutefois d'être très prudent avec ce résultat étant donné la petite taille du dispositif : seulement 60 cycles d'insémination à dix périodes différentes. Néanmoins, la consanguinité des verrats de la CBN pourrait être un facteur influençant le résultat des inséminations. Saura *et al.* (2015) ont d'ailleurs mis en évidence sur la souche Ibérique Guadyrbas une diminution de la prolificité en lien avec l'augmentation de la consanguinité. Ainsi, la caractérisation génomique réalisée ici donne des éléments objectifs de choix des verrats de la CBN à utiliser en priorité dans des programmes de décongélation.

## CONCLUSION

Dans cette étude, le génome des six races locales porcines françaises a été caractérisé à partir d'un échantillonnage d'animaux récents et de semences stockées en CBN. Des recommandations d'utilisation du matériel de la CBN ont pu être faites pour prendre en compte la consanguinité génomique et le génotype halothane des animaux ayant produit les semences, ainsi que les quelques erreurs de traçabilité des doses de CBN les plus anciennes. Si les verrats avec les plus faibles  $F_{ROH}$  sont les plus intéressants en termes de variabilité génétique, des verrats plus consanguins de la CBN peuvent être porteurs d'allèles originaux. Néanmoins, l'utilisation des semences avec des consanguinités génomiques élevées pourrait nécessiter le développement de méthodes d'insémination spécifiques pour pallier au possible manque de pouvoir fécondant. Ce jeu de données sera par ailleurs valorisé pour développer des outils moléculaires d'assignation de race. Des études plus poussées de diversité génétique pourront aussi être faites.

## REMERCIEMENTS

Ce travail a été réalisé dans le cadre du projet Caraloporc financé en 2015 par le projet CRB-Anim, infrastructure du programme d'Investissements d'Avenir. Une partie des données de génotypage provient du programme H2020 TREASURE (GA n°634476). Le texte ne reflète que l'avis des auteurs.

## REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Boichard D., 2002. Pedig: a fortran package for pedigree analysis suited for large populations. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 19-23, Montpellier, France. N° 28-13, session 28 (accès 02/09/2019).
- Bosse M., Megens H.K., Madsen O., Paudel Y., Frantz L.A.F., Schook L.B., Crooijmans R.P.M.A., Groenen M.A.M., 2012. Regions of Homozygosity in the Porcine Genome: Consequence of Demography and the Recombination Landscape. PLOS Genet., 12, 11.
- Ceballos C. F., Joshi K. P., Clark D. W., Ramsay M. and Wilson J. F., 2018. Runs of homozygosity: windows into population history and trait architecture. Nat. Rev., 19, 220-235.
- Curik I., Ferencakovic M., Sölkner J. 2014. Inbreeding and runs of homozygosity: a possible solution to an old problem. Livest. Sci., 166, 26-34.
- Lenoir H., 2015. Analyse de la variabilité génétique des six races locales porcines. Les cahiers de l'IFIP, vol 2 n°1, 19-25.
- Maignel L., Labroue F., 2001. Analyse de la variabilité génétique des races porcines collectives et des races locales en conservation à partir de l'information généalogique. J. Rech. Porcine en France, 33, 111-117.
- Mercat M.-J., Lenoir H., Ferchaud S., Guillouet P., 2008. Première expérience d'utilisation de semence de la Cryobanque Nationale comme outil de gestion de la variabilité génétique en race locale porcine. J. Rech. Porcine, 40, 93-98.
- Muñoz M., Bozzi R., García-Casco J., Núñez Y., Ribani A., Franci O., García F., Škrlep M., Schiavo G., Bovo S., Utzeri V. J., Charneca R., Martins J. M., Quintanilla R., Tibau J., Margeta V., Djurkin-Kušec I., Mercat M. J., Riquet J., Estellé J., Zimmer C., Razmaite V., Araujo J. P., Radović Č., Savić R., Karolyi D., Gallo M., Čandek-Potokar M., Fernández A. I., Fontanesi L., Óvilo C. 2019. Genomic diversity, linkage disequilibrium and selection signatures in European local pig breeds assessed with a high density SNP chip. Nature, 9, 13546.
- Peripolli E, Munari DP, Silva MVGB, Lima ALF, Irgang R, Baldi F, 2016. Runs of homozygosity: current knowledge and applications in livestock. Anim. Genet., 48, 255-271.
- Saura M., Fernández A., Varona L., Fernández A.I., de Cara M.Á., Barragán C., Villanueva B., 2015. Detecting inbreeding depression for reproductive traits in Iberian pigs using genome-wide data. Genet. Sel. Evol., 47, 1.
- Silió L., Rodríguez M.C., Fernández A. 2013. Measuring inbreeding and inbreeding depression on pig growth from pedigree or SNP-derived metrics. J. Anim. Breed. Genet., 130, 349-360.
- Zanella R., Peixoto J.O., Cardoso F.F., Cardoso L.L., Biegelmeyer P., Cantão M.E., Otaviano A., Freitas M.S., Caetano A.R., Ledur M.C., 2016. Genetic diversity analysis of two commercial breeds of pigs using genomic and pedigree data. Genet. Sel. Evol., 48,24.