

# Diversité génétique du porc local du Togo :

## Cas de la région maritime et de la région des Savanes

Koffi G. SOMENUTSE, Mawuli K. AZIADEKEY, Guiguigbazan K. DAYO, Abalo E. KULO

### INTRODUCTION

Les études sur la diversité des animaux d'élevage, dont le porc: nombre limité de populations et/ou de marqueurs génétiques.

Togo: travail conduit dans le but d'évaluer la diversité génétique des produits de croisements issus des populations porcines locales et introduites rencontrés sur le territoire, et pour lesquelles il n'existe pas d'information.

### MATERIEL ET METHODES

Enquête prospective au Togo: région maritime (RM) + région des Savanes (RS) soit 497 éleveurs de porc local. (Figure 1)

Onze (11) critères de sélection des élevages dont quatre indispensables

- i) > 5 ans d'expérience en élevage de porc local;
- ii) utilisation de porcheries;
- iii) posséder 10 sujets au moins et
- iv) accord de prélèvement de sang ==> 75 élevages sélectionnés.

Echantillons de sang prélevés sur quatre sujets dans chaque élevage soit  $4 \times 75 = 250$ .

Extraction de l'ADN génomique avec le kit Promega. 176 retenus après dosage  $\geq 20 \text{ ng}/\mu\text{L}$

\* RM (107) : Avé (11), Golfe (10), Lacs-Bas Mono (21), Vo (29), Yoto (16), Zio\_Nord (10) et Zio\_Sud (10)

\* RS (69) : Kpendjal (32), Oti (14) et Tône (23)

\* Utilisation de 15 microsatellites du panel de l'I-SAG-FAO ([www.fao.org/dad-is/](http://www.fao.org/dad-is/)).

#### Traitements et Analyse

Logiciels utilisés: GENETIX Version 3.3 ; FSTAT version 2.9.3 ; MicroChecker et STRUCTURE pour évaluer la diversité génétique

Paramètres pris en compte: nombre d'allèles par locus, nombre réel d'allèles, richesse allélique, hétérozygotie observée; hétérozygotie attendue ; déficit en hétérozygotes, excès relatif en hétérozygotes, indice de fixation; déséquilibre de liaison, allèles nuls, structuration des populations porcines.

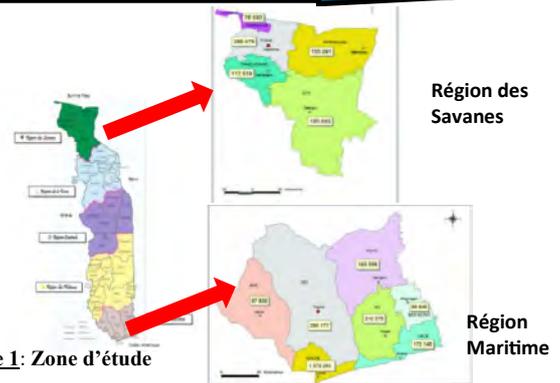


Figure 1: Zone d'étude

### RESULTATS ET DISCUSSION

Polymorphisme de tous les loci.

$N_a = 9,5 \pm 1,0$  : le plus faible au locus So 227 (3 allèles) et le plus élevé (25 allèles) au locus So 005. Seul locus (So 355) ==> allèles nuls.

RA 1 à 2: les mesures de la diversité génétique fondées sur la richesse allélique se sont avérées efficaces et sont considérées comme importantes pour maximiser le nombre d'allèles conservés (Petit *et al.*, 1998; Bataillon *et al.*, 1996).

\* Populations porcines proches: Lacs et Yoto dans la RM ( $DA=0,067$ ) puis Tone et Kpendjal ( $DA=0,034$ ) dans la RS. ==> Abondance des échanges d'animaux au sein de ces préfectures à cause de la promiscuité et aussi des liens de parenté entre les éleveurs des 2 zones.

\* Populations porcines distantes: Golfe et Tone ( $DA=0,170$ ) ==> échanges d'animaux très difficiles techniquement à cause de la distance, en plus les peuples et les cultures sont différents.

$0,48 \leq He \leq 0,64$  et  $0,41 \leq Ho \leq 0,54$  similaires aux résultats de San Cristobal *et al.* (2006), soit entre 0,43 et 0,68 signifiant que le taux de croisements consanguins au sein des populations étudiées a été important.

Caractéristiques du porc reconnu local: petite taille + couleur noire de la robe. Mais les croisements réalisés dans un but d'amélioration ont abouti à des tailles intermédiaires et des variantes de couleurs.

La différence de taille et de couleur de robe observée entre les animaux de la RM comparativement à ceux de la RS est confirmée par la diversité dans la constitution moléculaire. (Figure 2)

Explications possible des observations:

- i) échanges limités de reproducteurs ;
- ii) différences agroécologiques ;
- iii) aux différences des modes de conduite de l'élevage. Ces facteurs sont très importants dans l'évolution de la structure génétique des populations (De Meeûs, 2012).

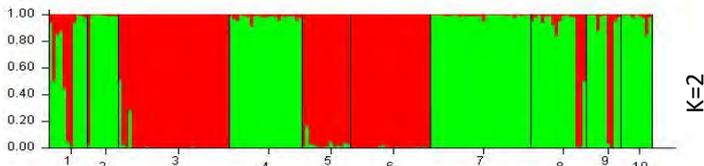


Figure 2: Structure des populations de porcs suivant les préfectures (1-Ave 2-Golfe 3-Kpendjal 4-Lacs 5-Oti 6-Tone 7-Vo 8-Yoto 9-Zio\_N 10-Zio\_S)

### CONCLUSION

L'analyse moléculaire des porcs de races locales du Togo a montré une différence réelle entre les populations de la RM et celles de la RS. Cependant, d'autres travaux sont nécessaires pour approfondir une valorisation durable et une évaluation des potentiels de ces populations.