



HAL
open science

Diversité génomique de porcs issus d'un croisement Large-White x Piétrain

Audrey Ganteil, Silvia Teresa Rodríguez-Ramilo, Bruno Ligonésche, Catherine Larzul

► To cite this version:

Audrey Ganteil, Silvia Teresa Rodríguez-Ramilo, Bruno Ligonésche, Catherine Larzul. Diversité génomique de porcs issus d'un croisement Large-White x Piétrain. 52.Journées de la Recherche Porcine en France, Feb 2020, Paris, France. hal-02737979

HAL Id: hal-02737979

<https://hal.inrae.fr/hal-02737979>

Submitted on 2 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives | 4.0
International License

Diversité génomique de porcs issus d'un croisement Large White x Piétrain

Audrey GANTEIL (1,2), Myriam COTTEREAU (2), Silvia RODRIGUEZ-RAMILO (1), Bruno LIGONESCHE (2), Catherine LARZUL (1)

(1) GenPhySE, Université de Toulouse, INRA, ENVT, 31326 Castanet-Tolosan, France

(2) SAS NUCLEUS, 35650 Le Rheu, France

audrey.ganteil@inra.fr

Diversité génomique de porcs issus d'un croisement Large White x Piétrain

Un des bénéfices attendus du croisement entre lignées, pratique répandue dans la filière porcine, peut être l'accroissement de variabilité génétique, notamment dans un contexte de création de populations synthétiques. Cette augmentation de la variabilité, liée à l'état hétérozygote des individus, reste difficile à préciser lorsque seule l'information généalogique est disponible. Il est dorénavant possible de caractériser la variabilité génétique présente dans les populations porcines à une échelle génomique via l'analyse de données de génotypage. Une des approches possibles est la détection de régions homozygotes le long du génome, qui permet de quantifier la consanguinité génomique chez un individu. La quantification de ces régions homozygotes pouvant être réalisée à l'échelle du génome ou du chromosome, elle permet de caractériser à la fois la consanguinité génomique globale d'un individu ou une consanguinité locale en des zones plus ciblées du génome. Nous proposons dans cette étude d'utiliser l'information génomique afin d'estimer la consanguinité via la détection de régions homozygotes présentes dans les génomes de reproducteurs de races pures Large White et Piétrain et de leurs produits croisés. L'ensemble des individus a été génotypé sur la puce porcine IlluminaSNP60. Comme attendu, un nombre moins important de segments homozygotes est détecté chez les animaux croisés par rapport aux deux populations parentales. De plus, la longueur totale de ces segments est plus faible chez les animaux croisés. Même si ces observations peuvent être interprétées comme une diminution de la consanguinité, la conservation de segments homozygotes chez les descendants croisés signifie que certains haplotypes sont partagés entre les populations parentales.

Genomic diversity of pigs from a Large White x Pietrain crossbreeding

One of the expected benefits of crossbreeding, a common practice in the pig industry, may be the increase in genetic variability, especially in a context of creation of synthetic populations. This increase in variability, related to the heterozygous status of individuals, remains difficult to specify when only genealogical information is available. It is now possible to characterize genetic variability in pig populations at a genome scale by analyzing genotypic data. One possible approach is to detect homozygous regions along the genome to quantify genomic consanguinity in an individual. These homozygous regions can be quantified at the genome or chromosome scale. It is then possible to characterize both overall genomic consanguinity of an individual or a local one in specific areas of the genome. In this study, we used genomic information to estimate inbreeding by detecting homozygous regions in the genomes of purebred Large White dams and Pietrain sires and their crossbred offspring. All individuals were genotyped using the IlluminaSNP60 porcine chip. As expected, fewer homozygous segments were detected in crossbred animals than in their parental populations. In addition, the total length of these segments was lower in crossbred animals. These observations can be interpreted as a decrease in consanguinity; however, the conservation of homozygous segments in crossbred offspring means that some haplotypes were shared between parental populations.