



HAL
open science

Estimation de la diversité génétique des porcs Créoles en Guadeloupe par l'utilisation de marqueurs moléculaires

Jean-Luc Gourdine, Michel Naves, Nathalie Mandonnet, David Renaudeau

► To cite this version:

Jean-Luc Gourdine, Michel Naves, Nathalie Mandonnet, David Renaudeau. Estimation de la diversité génétique des porcs Créoles en Guadeloupe par l'utilisation de marqueurs moléculaires. 9. Journées techniques de l'AMADEPA, 2012, Madiana, France. hal-02803532

HAL Id: hal-02803532

<https://hal.inrae.fr/hal-02803532>

Submitted on 5 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.

Estimation de la diversité génétique des porcs Créoles en Guadeloupe par l'utilisation de marqueurs moléculaires

J-L Gourdine^{1,2}, M. Naves¹, N.Mandonnet¹, D. Renaudeau¹

¹ INRA, Unité de Recherches Zootechniques, UR143, 97170 Petit-Bourg, Guadeloupe

² Jean-Luc.Gourdine@antilles.inra.fr

Introduction

La production porcine de la Guadeloupe, comme dans la majorité des productions porcines reposent majoritairement sur des élevages spécialisées de type industriel, reposant sur l'utilisation d'un nombre limité de races exotiques et d'aliments importés [1]. Le porc Créole a eu une importance économique, sociale et culturelle très importante en Guadeloupe et dans certaines îles de la Caraïbe telle Cuba. En effet, le porc Créole a contribué pendant plusieurs années au complément de revenu de nombreuses petites exploitations agricoles [2]. Ces petits élevages font partie des acteurs essentiels du développement rural, d'un point de vue économique mais aussi social et culturel [3]. Le porc Créole de la Guadeloupe et de Martinique (Photo 1) est la résultante des croisements entre des porcs ibériques introduits lors de la colonisation européenne dès le XVIème siècle et des porcs français [4]. Ces porcs espagnols ont été croisés au cours des temps avec diverses autres races importées (Large Black, Duroc, Large White, ...). En Guadeloupe, la population porcine Créole s'élèverait à environ 1 200 truies-mères [5] et elle est en voie de disparition [6]. Le porc Créole est souvent dévalorisé du fait de sa productivité et son gain de poids moins élevés qu'un porc amélioré. Cependant, il y a au moins une double nécessité de sauvegarder le porc créole: un intérêt scientifique (déterminisme génétique de l'adaptation au chaud) et économique (niche économique autour de la qualité de la viande). En effet, de nombreux travaux ont montré la qualité organoleptique supérieure de la viande fraîche ou transformé du porc Créole en comparaison au porc Large White [7, 8], ou en comparant différents régimes alimentaires [9]. Ces résultats constituent un argument de poids pour le développement d'un marché de niche. De plus, des travaux ont montré la meilleure tolérance à la chaleur du porc Créole. Celle-ci se caractérise en particulier, par un seuil de sensibilité à une brusque élévation de la température ambiante plus élevé que le porc Large White [10] et une capacité des animaux Créoles à consommer de l'aliment au cours des périodes les plus chaudes de la journée [11]. De ce point de vue, le porc Créole peut être aussi considéré comme une source potentielle de nouvelles combinaisons alléliques qui pourraient s'avérer importantes dans le futur [12]. Enfin, par leur mise en valeur dans des ateliers de production porcine, le porc Créole peut contribuer à l'utilisation durable de la biodiversité [13].

La variabilité génétique intra-population s'exprime généralement à partir d'un ensemble de fréquences alléliques [14]. En absence de connaissance sur la généalogie des animaux, les marqueurs, tel que les microsatellites, permettent de suivre et d'évaluer la variabilité intra-race. Les marqueurs génétiques fournissent différents niveaux d'informations sur la diversité

génétique. Les microsatellites sont parmi les marqueurs les plus utilisés dans les études de caractérisation génétique des animaux d'élevage. Les microsatellites consistent en une séquence d'ADN contenant une répétition d'un motif de 2 à 6 paires de bases (par exemple CACACACACACACA). Ils sont répandus sur un génome animal. Le taux de mutation élevé et la nature co-dominante favorisent l'estimation de la diversité intra et interrassiale [6]. Les loci des microsatellites sont habituellement utilisés pour déterminer les estimations sur la diversité et la différenciation des populations, le calcul des distances génétiques, l'estimation des parentés et des mélanges génétiques entre populations [6]. A notre connaissance, il existe peu de résultats disponibles dans la littérature sur l'évaluation de la diversité génétique de la race porcine Créole de Guadeloupe. Les études disponibles [15] montrent une grande richesse allélique aux marqueurs testés, confirmant la grande hétérogénéité intra-population Créole observée, notamment au niveau du format, de la coloration ou de la production [4, 16, 17]. L'objectif de cette étude a été d'estimer la diversité génétique de la population porcine Créole de Guadeloupe en utilisant un panel de marqueurs microsatellites.



Photo 1: Porcs Créoles en croissance élevés sur litière bagasse.

Matériel et Méthodes

Collection des échantillons et Extraction d'ADN

Etant donné l'absence d'organisation formelle de la production porcine Créole, un travail préalable d'enquête sur les éleveurs et détenteurs de porcs Créoles a été d'abord réalisé [18]. Plusieurs listes de contacts d'exploitants agricoles ont été fournies par différents acteurs, entre autres le Lycée d'Enseignement Général et Technologique Agricole, l'association SOS-PIG (Sauvegarde Organisée et Sélection de Porcs Indigènes de Guadeloupe), la chambre d'agriculture de Marie-Galante. Sur un total de 190 personnes contactées, la majorité des éleveurs/détenteurs de porcs CR ont accepté de nous accueillir pour l'enquête, soit un total de 34 éleveurs/détenteurs (18 % des personnes contactées). Pour effectuer les analyses génétiques, des échantillons de sang ont été prélevés sur 28 porcs Créoles provenant de 15 élevages répartis sur le territoire. Etant donné, l'absence de suivi généalogique (hormis pour les animaux provenant de l'élevage expérimental de l'INRA-PTEA), le choix des animaux Créoles a été réalisé sur la base du phénotype (coloration de la robe, hauteur au garrot, présence de pendeloques,...) [18]. La plupart des prélèvements sanguins a été effectuée sur des porcelets en croissance au niveau de la veine jugulaire. De plus, en station expérimentale à l'INRA-PTEA (Plateforme Tropicale d'Expérimentation Animale), des porcs Créoles ont

été prélevés afin d'élaborer une référence « porc Créole » par rapport aux échantillons hors-INRA. Pour effectuer le prélèvement sanguin, l'animal est immobilisé. La prise de sang s'est effectuée sur l'animal renversé et reposant sur le sol par les parties supérieures de l'épaule, des parois thoraciques et des parois dorsales [19]. Les échantillons de sang ont été expédiés au Laboratoire de Génétique Cellulaire de l'INRA de Toulouse (LGC) pour extraction d'ADN.

Analyse des données microsatellites

Le typage a été réalisé sur 36 marqueurs microsatellites bien répartis sur les 18 autosomes et le chromosome X (Tableau 1). Parmi ces microsatellites, 19 marqueurs font partie de la liste des marqueurs microsatellites recommandés par la FAO/ISAG [20].

Tableau 1. Liste des 36 marqueurs microsatellites utilisés pour l'évaluation de la diversité intra-spécifique.

Nom	Chr	Séquence 5' -> 3' 3' -> 5'	Nom	Chr	Séquence 5' -> 3' 3' -> 5'
SW1828 ^a	1	AATGCATTGTCTTCATTCAACC TTAACCGGGGCACTTGTG	SW830 ^a	10	AAGTACCATGGAGAGGGAAATG ACATGGTTCCAAAGACCTGTG
S0226 ^a	2	GCACTTTTAACCTTCATGATACTCC GGTTAAACTTTTNCCTCAATACA	SW951	10	TTTCACAACCTCTGGCACCAG GATCGTGCCCAATGGAC
SW72 ^a	3	ATCAGAACAGTGCGCCGT TTTGAAAATGGGGTGTTC	SW2008 ^a	11	CAGGCCAGAGTAGCGTGC CAGTCCTCCCAAAAATAACATG
SW902	3	ATCAGTTGGAAATGATGGCC CTTGCCTCAAAGAGTTGTAAGG	S0090 ^a	12	CCAAGACTGCCTTGTAGGTGAATA GCTATCAAGTATTGTACCATTAGG
S0217	4	TGTGATGCAGGCTGGCAG GCCTCCTCATCTGGGGTC	S0215	13	TAGGCTCAGACCCTGCTGCAT TGGGAGGCTGAAGGATTGGGT
S0301	4	CCGTCTTACTTAGGATGTTT TGATGTGTTTATGTGTTTGA	SWR1941	13	AGAAAGCAATTTGATTTGCATAATC ACAAGGACCTACTGTATAGCACAG G
IGF1 ^a	5	GCTTGGATGGACCATGTTG CATATTTTTCTGCATAACTTGAACCT	SW295	14	ACCTGCCAGAGTTGTGGC AAGAGTTTCATTTCTCCCATCC
S0005 ^a	5	TCCTTCCCTCCTGGTAACTA GCACTTCCTGATTCGGGTA	S0355 ^a	15	TCTGGCTCCTACTCCTTCTTGTATG TTGGGTGGGTGCTGAAAAATAGGA
S0228 ^a	6	GGCATAGGCTGGCAGCAACA AGCCCACCTCATCTTATCTACACT	SW1111	15	AGGTCCTACTGTCCATCACAGG GAAGCAGAGTTGGCTTACAGTG
SW2406 ^a	6	AATGTCACCTTTAAGACGTGGG AATGCGAAACTCCTGAATTAGC	SW936 ^a	15	TCTGGAGCTAGCATAAGTGCC GTGCAAGTACACATGCAGGG
S0025	7	TCTCCCTTCCCTCCATCTCT CTCCATCAGCCAAAAACATT	S0026 ^a	16	AACCTTCCCTTCCCAATCAC CACAGACTGCTTTTACTCC
S0101 ^a	7	GAATGCAAAGAGTTCAGTGTAGG GTCTCCCTCACACTTACCGCAG	SW742	16	AATTCTACTTCTGGGGAGAGGG CTTTGGGAACATTTCTGCC
SW632 ^a	7	TGGGTTGAAAGATTTCCCAA GGAGTCAGTACTTTGGCTTGA	SW24 ^a	17	CTTTGGGTGGAGTGTGTGC ATCCAAATGCTGCAAGCG
S0178 ^a	8	TAGCCTGGGAACCTCCACACGCTG GGCACCAGGAATCTGCAATCCAGT	SWR1004	17	TGGGAACACCTGCTTCATTC TCCATATGCCCAAGTGTG
S0225	8	GCTAATGCCAGAGAAATGCAGA CAGGTGGAAAGAATGGAATGAA	SW1023	18	AACCTGTGAGCCACAGTG GCAAGTACCCAATCTTTTTTCC
SW2410 ^a	8	ATTTGCCCCCAAGGTATTTT CAGGGTGTGGAGGGTAGAAG	SW787	18	CTGGAGCAGGAGAAAGTAAGTTC GGACAGTTACAGACAGAAGAAGG
SW911 ^a	9	CTCAGTTCTTTGGGACTGAACC CATCTGTGGAAAAAAAAGCC	S0218	X	GTGTAGGCTGCGGTTGT CCCTGAAACCTAAAGCAAAG
S0070	10	GGCAGCATTTTCATTCACAG GAGCAAACAGCATCGTGAGC	SW2476	X	GAGAGGGACAGAGCTGAGAGC CTTGAGGTTTGTGGCACC

^a microsatellites faisant partie de la liste des marqueurs microsatellites recommandés par la FAO/ISAG pour l'étude de la diversité génétique.

Sur la base des distances entre individus (proportion d'allèles partagés), une classification ascendante hiérarchique sur les distances entre individus, méthode « complète » a été réalisée.

Résultats et Discussion

A partir de l'analyse des distances génétiques entre porcs Créoles, cinq groupes d'animaux ont pu être constitués (Figure 1). Ce regroupement sur la base des marqueurs moléculaires est similaire au regroupement géographique des fermes (Figure 2) : les groupes 1 et 2 se situent au Lamentin, le groupe 3 à Marie-Galante, le groupe 4 à Petit-Bourg et le groupe 5 à Baie-Mahault. Intra- groupes, les distances génétiques minimales ont été estimées entre les animaux de l'élevage expérimental de l'INRA-PTEA. Cette faible hétérogénéité est à mettre en relation avec le fort taux de consanguinité de ce cheptel, qui depuis l'an 2000, n'a pas connu de renouvellement par des reproducteurs non apparentés aux animaux fondateurs. Presque la moitié (environ 46 %) de la diversité génétique des animaux analysés se trouve à Marie-Galante. Ce résultat est à mettre en relation avec les effectifs de porcs Créoles probablement plus importants à Marie-Galante qu'ailleurs, ce qui diminue le risque de dérive génétique (fixation d'un seul allèle).

Dans cette étude, nous nous sommes focalisés sur la variabilité intra-population porcine Créole. Il conviendrait de comparer les typages obtenus avec d'autres races, comme le porc Large White. Ce type d'étude permettra de réévaluer les distances génétiques entre races.

Figure 1. Classification ascendante hiérarchique sur les distances entre les 28 animaux génotypés.

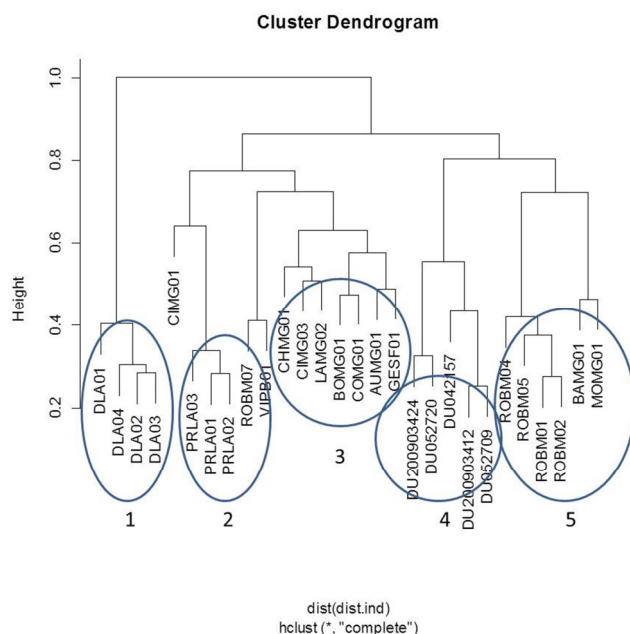


Figure 2. Répartition géographique des animaux étudiés.



Conclusion

Cette étude confirme que les marqueurs microsatellites constituent un bon outil à moindre coût pour évaluer la diversité génétique des populations à faible effectif et ils contribuent à la conservation des races en voie d'extinction. L'utilisation ponctuelle des marqueurs, combinée à une gestion de la reproduction, notamment par l'identification des animaux et le suivi de la reproduction, permet de gagner en efficacité sur le maintien de cette race originale. Aussi, la sauvegarde du porc Créole impose la mise en place d'une organisation générale incluant la conservation et la gestion de sa diversité génétique.

1. Zebus, M.F., et al., *Diversité des élevages porcins en Guadeloupe: première évaluation technico-économique*. Journées de la Recherche Porcine, 2005. **37**: p. 407-412.
2. SOS-PIG and S.O.e.S.d.P.I.d.I. Guadeloupe. *Compte-rendu de la première édition de Jou a Kochon Créyol*. in *Jou a Kochon Créyol*. 2010. Baie-Mahault.
3. Alexandre, G. and N. Mandonnet. *Résilience de l'animal et du système d'élevage: perceptions croisées du généticien et du zootechnicien sur la production caprine tropicale*. in *48ème colloque de l'Association de Science Régionale de Langue Française ASDRLF*. 2011. Schoelcher - Martinique: ASDRLF.
4. Lauvergne, J.J. and I. Canope, *Etude de quelques variants colorés du porc Créole de la Guadeloupe*. Annales de Génétique et de la Sélection Animale, 2000. **11**(4): p. 381-390.
5. Rinaldo, D., et al., *Creole pigs in Guadeloupe and Cuba : a comparison of reproduction, growth performance and meat quality in relation to dietary and environmental conditions*. Pig News and Information, 2003. **24**: p. 17-26.
6. FAO, *The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture.*, E.b.B.R.D. Pilling., Editor. 2007: Rome. p. 511.
7. Deprès, E., et al., *Comparaison de porcs Créole et Large White pour les performances de croissance et la qualité de la viande en fonction de l'âge de l'abattage*. Journée des Recherches Porcines en France, 1992. **24**: p. 17-24.

8. Renaudeau, D. and J. Mouro, *A comparison of carcass and meat quality characteristics of Creole and Large White pigs slaughtered at 90 kg BW*. Meat Science, 2007. **76**: p. 165-171.
9. Xande, X., et al., *Effect of sugarcane diets and a high fibre commercial diet on fresh meat and dry-cured ham quality in local Caribbean pigs*. Meat Science, 2009. **82**(1): p. 106-112.
10. Renaudeau, D., *Effects of short-term exposure to high ambient temperature and relative humidity on thermoregulatory responses of European (Large White) and Caribbean (Creole) restrictively fed growing pigs*. Animal Research, 2005. **54**: p. 81-93.
11. Gourdine, J.L., et al., *Effects of season and breed on the feeding behavior of multiparous lactating sows in a tropical humid climate*. Journal of Animal Science, 2006. **84**: p. 469-480.
12. Sollero, B.P., et al., *Genetic diversity of Brazilian pig breeds evidenced by microsatellite markers*. Livestock Science, 2009. **123**: p. 8-15.
13. Gourdine, J.L., et al., *Systèmes de production valorisant des ressources locales en production porcine en milieu tropical*. Innovations Agronomiques, 2011. **15**: p. 75-87.
14. Verrier, E. and X. Rognon, *Utilisation des marqueurs pour la gestion de la variabilité génétique des populations*. INRA Productions Animales, 2000. **hors-série "Génétique moléculaire : principes et application aux populations animales"**: p. 253-257.
15. Ollivier, L., et al., *An assessment of European pig diversity using molecular markers: Partitioning of diversity among breeds*. Conservation Genetics, 2005. **6**(5): p. 729-741.
16. Gourdine, J.L., et al., *Effects of breed and season on performance of lactating sows in a tropical humid climate*. Journal of Animal Science, 2006. **84**: p. 360-369.
17. Canope, I. and Y. Raynaud, *Etude comparative des performances de reproduction, d'engraissement et de carcasse des porcs Créoles et large White en Guadeloupe*. Journée des Recherches Porcines en France, 1981. **13**: p. 307-316.
18. Gourdine, J.L., A. Lebrun, and F. Silou, *Investigaciones para evaluar diversidad en cerdos criollos de Guadeloupe*. Revista Computadorizada de Produccion Porcina, 2010. **17**(2): p. 129-132.
19. Dumont, B.L., *Méthode de prise de sang chez le porc, à la veine cave antérieure*. Annales de zootechnie, 1955. **IV**: p. 297-303.
20. FAO, *Molecular genetic characterization of animal genetic resources; Guidelines 9*, F.A.P.A. HEALTH, Editor. 2011: Rome.