

Evaluation de la composition raciale actuelle du DRC, lignée synthétique à base de Duroc, par analyse de la généalogie et analyse moléculaire

Loïc Flatres-Grall, Sophie Ruzafa, Nathalie Iannuccelli, Damien Bahon,
Magali San Cristobal, Michel Sourdioux

► **To cite this version:**

Loïc Flatres-Grall, Sophie Ruzafa, Nathalie Iannuccelli, Damien Bahon, Magali San Cristobal, et al.. Evaluation de la composition raciale actuelle du DRC, lignée synthétique à base de Duroc, par analyse de la généalogie et analyse moléculaire. 43. Journées de la Recherche Porcine, Feb 2011, Paris, France. IFIP - Institut du Porc, pp.1-6, 2011. hal-02808606

HAL Id: hal-02808606

<https://hal.inrae.fr/hal-02808606>

Submitted on 6 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.

Evaluation de la composition raciale actuelle du DRC, lignée synthétique à base de Duroc, par analyse de la généalogie et analyse moléculaire

Loïc FLATRES-GRALL (1), Sophie RUZAFI (2), Nathalie IANNUCELLI (3), Damien BAHON (1), Magali SANCRISTOBAL (3),
Michel SOURDIOUX (1)

(1) GENE+, 12 rue du moulin, 62134 Erin, France

(2) Plateforme Génomique, Chemin Borde Rouge, 31326 Castanet-Tolosan, France

(3) INRA Toulouse, UMR444 Lab. de Génét. Cellulaire, 31326 Castanet-Tolosan, France

msourdioux@geneplus.com

Evaluation de la composition raciale actuelle du DRC, lignée synthétique à base de Duroc, par analyse de la généalogie et analyse moléculaire

La lignée DRC, créée en 1986, est définie à l'Agence de la Sélection Porcine, comme constituée de 87,5% de gènes Duroc et 12,5% de gènes Large White (LW) et Landrace (LR). Cependant, du fait notamment d'un apport de sang extérieur, sa composition raciale n'est pas aujourd'hui connue précisément. La caractérisation raciale de cette lignée synthétique a donc été réalisée afin de connaître sa composition exacte et principalement la proportion de gènes Duroc. La recherche des ancêtres efficaces permet de quantifier la contribution des différentes races présentes dans le DRC aujourd'hui. Sous certaines hypothèses, cette méthode attribue 89,2% des gènes DRC au Duroc. Cette valeur est cependant inférieure à celle obtenue par la fréquence d'apparition de l'allèle e du gène MC1R4 (93%). Enfin, le typage, à partir de 40 marqueurs microsatellites (panel PigBioDiv), du DRC, du DRB (lignée composite d'origine commune) et des principales races qui les composent (Duroc, LW et LR) a été réalisé. A partir d'une assignation bayésienne, la part de gène Duroc dans le DRC apparaît bien être autour de 90%. Cette méthode apporte également une indication sur les 10% de gènes restants, qui seraient majoritairement du LW. Seul 1% de LR serait présent.

Les différentes méthodes donnent des résultats concordants pour la part du Duroc dans le génome du DRC. L'analyse de la généalogie visualise la présence d'un apport même minime de sang extérieur dans la généalogie et la comparaison à l'aide de marqueurs microsatellites permet d'estimer la part du LW et du LR dans le noyau. La complémentarité des approches permet donc une bonne caractérisation du DRC d'aujourd'hui.

Estimation of the breed composition of the DRC line, a composite line based on Duroc, by pedigree- and molecular-based analyses.

The DRC line, created in 1986, was originally constituted by 87.5% of Duroc and 12.5% of LW and LR genes. However, the exact composition became unknown due to an importation of genes since its creation. The breed characterization of this composite line was carried out to establish its exact composition, especially with regard to the proportion of Duroc genes. It was hoped the contribution of each breed represented in the DRC line today could be achieved by researching effective ancestors (pedigree analysis). This method attributed 89.2% of the genes in the DRC line to the Duroc breed. That value was corroborated by the frequency of the allele 'e' of the MC1R4 gene, which is around 93%. Next, characterizations with 40 microsatellites markers (PigBioDiv panel) of the DRC line, the DRB line (a composite line with the same origins) and the major breeds of those lines (Duroc, LW and LR) were carried out. Using Bayesian assignment methods, it appeared that the contribution of Duroc in the DRC line was around 90%. This method also provided information about the remaining 10% genes, which proved to be predominantly LW genes. Only 1% of LR genes were represented.

The different methods gave similar results for the proportion of Duroc genes in the DRC line. The pedigree analysis allowed even very limited breed contributions to the current line composition to be revealed. The molecular method provided an estimation of the relative contributions of LW and LR breeds. The use of these complementary methods allowed a precise characterization of the DRC composition.

INTRODUCTION

La connaissance précise de la composition raciale d'une lignée composite peut permettre de juger certains de ses potentiels d'évolution en sélection et de prévoir le niveau des effets d'hétérosis en croisement. La lignée DRC est issue de la scission d'un noyau composite construit par absorption sur 3 générations de truies Large White et Landrace en croisement par des verrats Duroc de diverses provenances, donnant un noyau théoriquement constitué de 87,5% de Duroc et 12,5% de Large White et Landrace. Ces pourcentages définissent actuellement la composition du DRC au niveau de l'Agence de la Sélection Porcine. La division de ce noyau en 1986 en une lignée mâle, le DRC, et une lignée femelle, le DRB, a été faite sur des critères de croissance, de carcasse et de productivité. Cependant, du fait de l'apport de sang extérieur et de 20 années de sélection, la composition actuelle du DRC est relativement mal connue. Cette étude vise à travers diverses méthodes à préciser la constitution raciale de cette lignée.

L'analyse de la généalogie permet, grâce à la recherche des ancêtres efficaces, de connaître les origines et les apports de sang réalisés sur un noyau, comme le montre une étude de la variabilité génétique des races porcines Large White, Landrace français et Piétrain (Maignel *et al.*, 1998). Delgado *et al.* (2002) ont montré qu'une analyse microsatellite permettait de déterminer la race d'un individu. Cette assignation d'un individu à une population à partir d'un panel microsatellite n'a cependant été testée que sur des races dites pures et non sur des lignées composites. Enfin, l'étude de Jerez *et al.* (2005) proposent de déterminer le pourcentage de sang Duroc dans une population à partir de la fréquence d'apparition d'un allèle caractéristique de la race, en l'occurrence l'allèle e du gène MC1R4. En effet, cet allèle, identifié au niveau moléculaire par Kijas *et al.* (1998) semble n'avoir été découvert que sur des populations Duroc, Tamworth (race de porc rouge d'origine Anglaise) et Minnesota n°1 (hybride à base de porc rouge créé aux Etats-Unis - Legault *et al.*, 2000).

Cette étude présente les résultats d'une évaluation de la composition raciale du DRC, et plus précisément une évaluation du pourcentage de sang Duroc, à partir de l'analyse de la généalogie, du polymorphisme du gène MC1R4 et d'une comparaison, à l'aide de marqueurs microsatellites, entre le DRC, le DRB, et différents noyaux de races pures.

1. MATERIEL ET METHODES.

1.1. Les populations et leurs échantillonnages.

L'étude du noyau DRC est basée sur les femelles actives et en pré-troupeau en février 2010 dans l'élevage de Bizy (FR41TFM), soit 67 femelles (dont la robe est rousse uniforme). Le fichier généalogique, utilisé pour l'étude des ancêtres efficaces, est constitué de ces 67 femelles DRC ainsi que de tous leurs ancêtres connus, soit un fichier regroupant 991 animaux nés entre 1988 et 2009 et dont le type génétique est connu.

La comparaison microsatellite est faite à partir du typage de 44 individus DRC, 44 Duroc GENE+ (DUG), 44 Duroc SOGEPORC (SOG), 50 Large White (LW), 49 Landrace (LR) et 49 DRB. Les échantillonnages des populations DRC, DUG et SOG sont réalisés sur les femelles actives ou en pré-troupeau, prises au hasard mais en excluant les mères/filles et les pleines sœurs

pour garantir un maximum de variabilité. Le DUG est une variété de Duroc agréée en France, d'origine principalement hongroise, le SOG est un Duroc canadien sélectionné par SOGEPORC, filiale de la Coopérative Fédérée du Québec. Les échantillons LW, LR (deux races pures des Livres Généalogiques Porcins Collectifs) et DRB sont ceux déjà utilisés dans l'étude PigBioDiv (San Cristobal *et al.*, 2006).

L'étude du gène MC1R4 est réalisée sur les 44 femelles DRC utilisées pour la comparaison microsatellite.

1.2. Prélèvements et analyses d'ADN

Un prélèvement de tissu au niveau de l'oreille a été réalisé sur les 44 femelles DRC, DUG et SOG à l'aide du kit de prélèvement VETKIT®.

L'extraction d'ADN a été réalisée par la plateforme génomique du Génomole Toulouse Midi-Pyrénées sur le robot ExtraGene (Genomic) à partir d'un protocole dérivé du protocole de Montgomery et Sise (1990).

L'analyse de ces échantillons d'ADN est réalisée à partir de 40 marqueurs microsatellites (panel PigBioDiv, San Cristobal *et al.*, 2006) au Génomole Toulouse Midi-Pyrénées à partir d'un séquenceur 48 capillaires ABI3730. Les données brutes ont été analysées avec le logiciel GeneMapper (version 4.0).

L'analyse du gène MC1R4 est réalisée au laboratoire de l'INIA à Madrid par pyroséquençage après amplification de type PCR (Pyrosequencing AB, Uppsala).

1.3. Analyse des résultats

1.3.1. Analyse de la généalogie

L'évaluation de la qualité du fichier généalogique est réalisée par estimation du pourcentage d'ancêtres connus à chaque génération, en utilisant le programme *Ngen* (Boichard, 2002).

La recherche des ancêtres efficaces est réalisée sur le fichier généalogique des 67 femelles DRC à l'aide du programme *orig_gen* (Boichard, 2002). La composition raciale de chaque ancêtre efficace est estimée par observation du type génétique des ascendants sur 3 générations, base prise en référence au croisement d'absorption. Par défaut, un ancêtre dont le type génétique est inconnu est défini comme étant de type DRC. La composition raciale du DRC (C_{DRC}) aujourd'hui est alors obtenue par le calcul suivant :

$$C_{DRC} = \sum_{i=0}^n C_i * P_i$$

où n est le nombre total d'ancêtres, i l' i ème ancêtre efficace, C_i la composition raciale de cet ancêtre et P_i sa contribution marginale au noyau DRC actuel.

1.3.2. Analyse du gène MC1R4.

Le typage de ce gène de coloration permet de connaître le génotype de chacun des individus pour le gène MC1R4. L'allèle e correspondant à une mutation d'une séquence codant pour la Tyrosine (T) au lieu de l'Alanine (C) en position 240 sur la protéine MC1R. Les génotypes sont donc CC, TT ou CT. Seul le génotype TT code pour la robe caractéristique du Duroc car cet allèle est récessif (Kijas *et al.*, 1998).

1.3.3. Analyse microsatellite

Concernant l'analyse de la diversité neutre à l'aide des marqueurs microsatellites, une Analyse Factorielle des Correspondances (AFC) et une assignation bayésienne ont été

effectuées avec les logiciels Génétix (Belkhir *et al.*, 1998) et Structure (Pritchard *et al.*, 2000) respectivement. Pour ce dernier, un modèle avec admixture et fréquences corrélées a été choisi. Le modèle est construit pour séparer l'échantillon de 4 populations en 3 groupes (clusters) en référence aux 3 races pures (Duroc, LW et LR) présent dans l'échantillonnage.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1. Qualité de la généalogie

La figure 1 présente les résultats des pourcentages d'ancêtres connus à chaque génération.

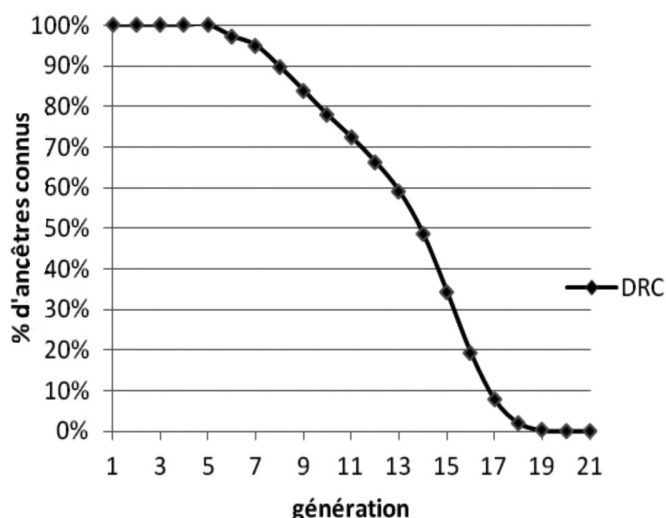


Figure 1- Evolution du pourcentage d'ancêtres connus suivant les générations dans la population DRC.

La connaissance des généalogies est maximale (100%) jusqu'à la génération 5 et décroît ensuite. Elle est de 78% à la dixième génération. A partir de la génération 17, moins d'un ancêtre sur 10 est connu.

Dans l'étude réalisée par Maignel *et al.* (1998), portant sur l'analyse de la variabilité génétique des races Large White, Landrace et Piétrain, l'analyse de la qualité des fichiers généalogiques montrait que 95% des ancêtres du Large White étaient connus en cinquième génération, 90% pour le Landrace et à peine 80% pour le Piétrain. En dixième génération, ce chiffre variait entre 5% pour le Piétrain et 80% pour le Large White Français. Les auteurs considéraient que la quantité d'information était suffisante pour permettre l'étude de la variabilité basée sur les analyses de la généalogie. De la même façon, dans l'étude de Maignel et Labroue (2001), la connaissance des générations pour les races Large White lignée femelle et lignée mâle, Landrace, Gascon, Basque, Blanc de l'Ouest, Limousin et Bayeux est considérée comme bonne avec un pourcentage d'ancêtres connus en cinquième génération variant selon les races entre 85% et 100%.

Le fichier généalogique de la population DRC est donc de très bonne qualité en comparaison à ces références antérieures. Cependant, les fondateurs initiaux de la lignée seront imparfaitement représentés, ce qui handicapera la bonne assignation raciale de chaque ancêtre.

2.2. Origines raciales du DRC.

Le tableau 1 décrit les principales caractéristiques des ancêtres efficaces obtenus par le calcul de la probabilité d'origine des gènes.

Tableau 1 - Description des ancêtres efficaces des femelles DRC actives ou en pré-troupeau en février 2010 et de phénotype Duroc.

Nombre d'ancêtres efficaces	48
Total de contribution	100%
Ancêtre apportant le maximum de contribution	9,87%
Ancêtre apportant le minimum de contribution	0,12%
Année de naissance de l'ancêtre le plus vieux	1994
Année de naissance de l'ancêtre le plus jeune	2006
Nombre d'ancêtres efficaces DRC	41
Nombre d'ancêtres efficaces DUG	6
Autre type génétique	1

Pour cette population femelle de type génétique DRC, 100% des gènes sont apportés par 48 ancêtres efficaces. L'ancêtre le plus important contribue pour 9,87% au génome de la population de février 2010. Les ancêtres sont de 3 types génétiques différents : DRC, DUG, et autre (Croisé Cul noir du Limousin).

Le plus vieil ancêtre efficace est né en 1994. Aucun des fondateurs de la lignée n'est considéré comme ancêtre efficace de cet échantillon de la population. Cela peut s'expliquer par la connaissance non exhaustive des généalogies et par la pression de sélection exercée sur le noyau. En effet, la connaissance de la généalogie ne permet de remonter qu'en 1989, or la lignée a été créée en 1986. De plus, 20 ans de sélection ont pu générer des goulets d'étranglement dans la population. En particulier, le peuplement de l'élevage de Bizy en 2004-2005, à partir de l'élevage fondateur, a pu provoquer un goulet d'étranglement majeur. Ces événements ont accentué les effets de la sélection et peuvent expliquer pourquoi l'étude des ancêtres efficaces ne remonte pas plus loin que 1994.

La présence de DUG et d'une autre population dans les ancêtres efficaces confirme l'import de sang extérieur dans la population DRC et surtout montre que des animaux issus de croisements entre DUG et DRC ont été conservés et utilisés pour le renouvellement du noyau DRC. La présence de 6 ancêtres DUG est le résultat de l'utilisation relativement importante et surtout récente de cette population Duroc pure.

Tableau 2 - Origines raciales des femelles actives ou en pré-troupeau en février 2010 et de phénotype Duroc (DRC).

Race	Contribution
Duroc	89,2%
Large White ou Landrace	9,6%
Autres	1,2%
Total	100%

Par cette approche, la population DRC femelle apparaît comme majoritairement d'origine Duroc, à plus de 89%, (tableau 2) soit une valeur supérieure à la valeur définie par construction (87,5%) matérialisant l'apport de gènes Duroc réalisé entre la construction du noyau et la population actuelle. Le Large White et le Landrace sont les secondes races représentées dans le génome du DRC, pour une valeur de 9,56%. Il n'est pas possible de différencier l'apport du LW de celui du LR du fait de l'absence des fondateurs dans les ancêtres efficaces et dans leur pédigrée.

De façon plus anecdotique, des gènes de Cul Noir du Limousin et du Musclor (piétrain négatif halothane) sont également retrouvés. Les pourcentages de Duroc, Large White et Landrace restent cependant sujets à caution car basés sur une hypothèse de 87,5% à la création du livre généalogique.

Par ailleurs, comme le précisent De Rochambeau *et al.* (2003) cette méthode est une approche probabiliste sur la transmission mendélienne du polymorphisme. Elle ne prend pas en compte les mutations par exemple et donc ne rend pas totalement compte du polymorphisme réel.

2.3. Typage du gène MC1R4.

Nous disposons de 42 typages (2 ADN extraits n'ont pu être exploités par la technique PRC utilisée) du gène MC1R4 avec les informations du type de mutation sur chaque allèle de chaque individu. La fréquence d'apparition de la mutation T (ou allèle e) du gène MC1R dans l'échantillon de la population DRC est largement majoritaire (93%), cependant, il existe encore des individus ayant une version allélique codant pour une alanine. Ce résultat concorde avec l'augmentation du pourcentage de sang Duroc dans la population DRC par rapport à 1986, mais résulte également de la sélection sur la couleur. L'étude de Jerez *et al.* (2005) montre que la fréquence d'apparition de l'allèle e permet de connaître le pourcentage de sang Duroc dans une population.

Cependant, il faut nuancer ce résultat car, dans cette étude, le test a été effectué sur des porcs charcutiers pour 3 proportions de sang Duroc : 0%, 50% et 100%.

Ce pourcentage dans la lignée DRC variant probablement entre 87,5% (3 générations d'absorption) et 93,75% (4 générations d'absorption), cette méthode n'est peut-être pas suffisamment précise pour distinguer des seuils aussi rapprochés.

La présence de l'allèle C sur des animaux de robe rousse uniforme peut également surprendre. Les nuances de roux observés sur les animaux expliquent peut-être ce résultat.

2.4. Analyse microsatellite.

Le typage microsatellite a été réalisé pour 6 populations et 40 marqueurs. Lors du typage des Duroc et du DRC, 2 marqueurs ont montré des résultats insuffisamment exploitables. En effet, l'attribution des versions alléliques pour ces deux marqueurs n'a pu être réalisée avec certitude que pour une dizaine d'individus. Ces 2 marqueurs ont en conséquence été exclus du jeu de données pour l'ensemble des calculs suivants. De la même façon, les individus ayant plus de la moitié des marqueurs sans résultats ont été exclus, un nombre trop important de données manquantes risquant de déséquilibrer et biaiser l'analyse. Le jeu de données à l'issue de ces éliminations se compose de 264 individus soit 45 DRB, 47 LR, 45 LW, 41 DRC, 42 DUG et 44 SOG.

La valeur de FST calculée pour l'échantillon total est de 0,18. Elle traduit une bonne structuration de l'échantillon par population d'origine (Wright, 1978). Ce résultat est corroboré par l'AFC (Figure 2), montrant aussi que les marqueurs microsatellites choisis permettent de réaliser une ségrégation de l'échantillon en fonction du type génétique. Les individus de la même population sont relativement bien regroupés entre eux. Les populations apparaissent distinctes les unes des autres, mis à part les 2 variétés de race Duroc (SOG et le DUG) qui sont partiellement imbriquées.

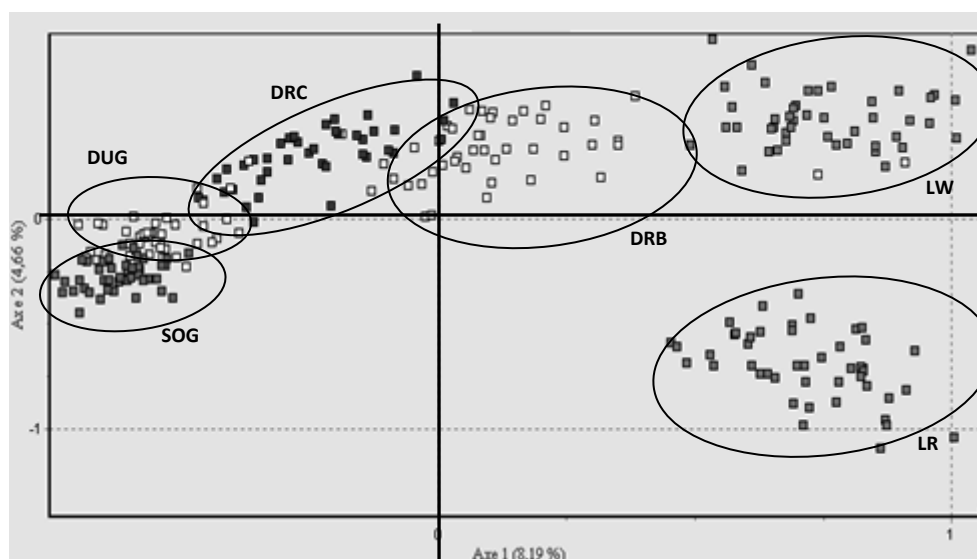


Figure 2 - Analyse Factorielle des Correspondances (AFC) des 264 animaux génotypés pour 38 microsatellites. Chaque point correspond à un individu, chaque ellipse à une population.

L'axe 1 de l'AFC explique 8,19% de la variance de l'échantillon. Il sépare les variétés de race Duroc (à gauche sur la Figure 2) des races sans gène Duroc (Large White et Landrace, sur la

droite). L'axe 2 qui explique 4,66% de la variabilité de l'échantillon sépare les Large White (en haut), des Landrace (en bas).

Ce positionnement du DRC entre le noyau DRB, lignée ayant une même origine, et les Duroc, traduit une différence de pourcentage de gènes Duroc entre ces deux lignées.

Le nuage de points met en évidence, comme attendu, une plus grande proximité des populations d'une même race (les Duroc) et un positionnement des lignées composites entre les races constituantes. Les DRB et les DRC se positionnent au dessus de l'axe 2, donc plus près du LW que du LR.

Cela peut signifier que, lors de la construction du noyau, une majorité de mères était d'origine LW. Cependant, cela peut également être dû à la sélection faite sur ces lignées.

Plus finement, pour le noyau DRC, il apparaît que les individus se positionnant au niveau du noyau DUG sont ceux qui ont un ancêtre DUG en première ou en deuxième génération et donc une part de sang Duroc plus importante. À l'inverse, les animaux positionnés sur l'AFC au niveau des individus DRB n'ont que des ancêtres de type DRC, et n'ont donc que 87,5% de sang Duroc.

2.5. Composition du DRC.

Les résultats de l'assignation bayésienne sont présentés dans le tableau 3. Le Duroc SOG n'a pas été utilisé ici pour éviter un déséquilibre des tailles d'échantillon.

Tableau 3 - Assignation bayésienne des quatre populations en 3 groupes selon leurs caractéristiques moléculaires

Population présumée	Appartenance aux clusters			Nombre d'individus
	1	2	3	
DRC	0,009	0,917	0,075	41
DUG	0,002	0,996	0,002	42
LD	0,961	0,006	0,033	49
LW	0,042	0,006	0,952	50

Le cluster n° 1 correspond à la population LR, le n°2 au Duroc, le n°3 à la population LW. Le DRC est assigné dans 91,7% des cas au cluster n° 2 (Duroc). Le pourcentage d'assignation avec le cluster n° 3 (LW) est de 7,5% et 0,9% pour le LR. Le même travail réalisé avec 50 individus Duroc, 50% SOG et 50% DUG montre des résultats légèrement différents.

En effet, le pourcentage de similitude avec le Duroc n'est plus que de 87,8% et passe à 11,3 pour le LW (la valeur pour le LR ne change pas). Outre la taille réduite des échantillons, la différence de résultat entre les modèles peut s'expliquer par le lien qui existe entre les races pures et la lignée DRC. L'objectif de ce travail était de voir le lien entre le DRC aujourd'hui et les races pures qui la composent.

Le Duroc SOG n'est pas à l'origine du DRC alors que le DUG l'est au moins en partie. L'observation de l'AFC montre que la caractérisation à partir de ce panel microsatellite sépare distinctement les deux populations issues de la même race et que, par conséquent, l'utilisation de l'une ou de l'autre peut faire varier le résultat. Cette observation ne s'applique pas ou peu pour les lignées LW et LR puisque les échantillons utilisés ici ont les mêmes origines ancestrales que les LW et LR qui ont permis la création du DRC.

Le tableau 3 donne un pourcentage d'assignation entre le DRC et le Duroc du même ordre de grandeur que les méthodes précédentes. Le pourcentage de lien avec le LW et le LR donné ici quantifie les observations faites sur la figure 2. La part de LW dans le DRC serait plus importante que celle du LR, sans que l'on puisse dire si c'est le cas depuis la construction ou si c'est un effet dû à l'échantillonnage ou à la sélection.

CONCLUSION

Cette étude montre que l'analyse de la généalogie et l'analyse moléculaire apportent des résultats similaires sur le pourcentage de sang Duroc de la lignée DRC. L'analyse de la généalogie permet de mettre en évidence les apports de gènes extérieurs et leurs impacts sur la population actuelle. L'analyse microsatellite permet d'estimer le pourcentage de gènes LW et LR dans la population sans notion du pourcentage de départ. Ces deux méthodes sont concordantes et complémentaires, et permettent une analyse fine de la composition raciale de cette lignée composite qui, en fonction des orientations prises dans la sélection, pourrait être également considérée comme une variété de race Duroc.

REMERCIEMENTS

Les auteurs souhaitent remercier Nicole Dion de la COOP Fédéré du Québec et Carmen Rodriguez Valdovinos de l'INIA (Madrid) pour leur participation technique à l'étude.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Belkhir K., Borsa P., Goudet J., Chikhi L. Bonhomme F., 1998. GENETIX, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome et Populations, CNRS UPR 9060, Université de Montpellier II, Montpellier, France.
- Boichard D., 2002. Pedig : a fortran package for pedigree analysis suited to large populations. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, 28-13.
- Delgado R., Torrento N., Trilla N., Collell E., Ballester J., Tibau J., 2002. Aplicación de microsatélites en la identificación genética de reproductores y en el estudio de parentesco en poblaciones porcinas de selección de las razas Piétrain y Duroc, www.acteon.webs.upv.es.
- De Rochambeau H., Verrier E., Bidanel J.P., Maignel L., Labroue F., Tribout T., Palhière L., Astruc J.M., Barillet F., Chapuis H., 2003. Mise en place de procédures de suivi de la variabilité génétique des populations animales domestiques sélectionnées et établissement de guides de gestion : applications aux ovins laitiers et aux porcs. Les Actes du BRG, 4, 17-34.
- Jerez F.M., Navarro G., Carrion D., 2005. Aplicación de un test de ADN (PICSpecTM) para la determinación del contenido de la raza Duroc en carne y curados en el mercado Español. Tercero Congreso Mundial del Jamón, 373-375.
- Kijas J.M.F., Wales R., Törnsten A., Chardon P., Moller M., Anderson L., 2001. A frameshift mutation in MC1R and a high frequency of somatic reversions cause black spotting in pigs. *Genetics*, 158,779-785.
- Legault C., Chardon P., 2000. Génétique de la coloration de la robe chez le Porc. Journées Rech. Porcine, 32, 385-395.
- Maignel L, Tribout T., Boichard D., Bidanel J.P., Guéblez R., 1998. Analyse de la variabilité génétique des races porcines Large White, Landrace Français et Piétrain, sur la base de l'information généalogique. Journées Rech. Porcine, 30, 109-116.
- 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. Journées Rech. Porcine, 33, 111-117.
- Montgomery G.W., Sise J.A., 1990. Extraction of DNA from sheep white blood cells. *New Zealand Journal of Agricultural Research* 33, 437-441.
- Pritchard J.K., Stephens M. & Donnelly P., 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155, 945-59.
- SanCristobal M., Chevalet C., Haley C.S., Joosten R., Rattink A.P., Harlizius B., Groenen M.A.M., Amigues Y., Boscher M.Y., Russell G., Law A., Davoli R., Russo V., Désautés C., Alderson L., Fimland E., Bagga M., Delgado J. V., Vega-Pla J. L., Martinez A.M., Ramos M., Glodek P., Meyer J.N., Gandini G.C., Matassino D., Plastow G.S., Siggens K.W., Laval G., Archibald A., Milan D., Hammond K., Cardellino R., 2006. Genetic diversity within and between European pig breeds using microsatellite markers. *Animal Genetics*, 37, 189-198.
- Wright S., 1978. The relation of livestock breeding to theories of evolution. *J. Anim. Sci.*, 46, 1192-1200.