

Polymorphismes biochimiques chez le grand porc blanc et le porc amélioré et leurs incidences dans l'élevage suisse

Autor(en): **Buser, J.C. / Nicod, B.**

Objektyp: **Article**

Zeitschrift: **Schweizer Archiv für Tierheilkunde SAT : die Fachzeitschrift für Tierärztinnen und Tierärzte = Archives Suisses de Médecine Vétérinaire ASMV : la revue professionnelle des vétérinaires**

Band (Jahr): **112 (1970)**

Heft 12

PDF erstellt am: **22.09.2024**

Persistenter Link: <https://doi.org/10.5169/seals-593122>

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Inhalten der Zeitschriften. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern.

Die auf der Plattform e-periodica veröffentlichten Dokumente stehen für nicht-kommerzielle Zwecke in Lehre und Forschung sowie für die private Nutzung frei zur Verfügung. Einzelne Dateien oder Ausdrucke aus diesem Angebot können zusammen mit diesen Nutzungsbedingungen und den korrekten Herkunftsbezeichnungen weitergegeben werden.

Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Die systematische Speicherung von Teilen des elektronischen Angebots auf anderen Servern bedarf ebenfalls des schriftlichen Einverständnisses der Rechteinhaber.

Haftungsausschluss

Alle Angaben erfolgen ohne Gewähr für Vollständigkeit oder Richtigkeit. Es wird keine Haftung übernommen für Schäden durch die Verwendung von Informationen aus diesem Online-Angebot oder durch das Fehlen von Informationen. Dies gilt auch für Inhalte Dritter, die über dieses Angebot zugänglich sind.

De l'Institut de Zootechnie de l'Université de Berne (Prof. W. Weber)
De la Clinique des Animaux de Rente de l'Université de Berne (Prof. H. Gerber)

Polymorphismes biochimiques chez le grand porc blanc et le porc amélioré et leurs incidences dans l'élevage suisse

Par J.C. Buser et B. Nicod

Très largement répandu dans la nature, le polymorphisme génétique a été défini par Ford (1940) comme étant la présence, au sein d'un même groupe animal, de plusieurs formes discontinues d'une même espèce, dont l'équilibre ne peut pas être maintenu seulement par des mutations récurrentes. Chez les animaux domestiques, il existe une foule de protéines sériques ainsi que d'enzymes ayant deux ou plusieurs formes moléculaires, que l'on a pu mettre en évidence grâce aux nouvelles méthodes de résolution des protéines, en particulier l'électrophorèse sur gel d'amidon (Smithies, 1955) et sa combinaison avec des procédés de colorations histochimiques (Hunter et Markert, 1957). L'identification de gènes responsables de ces formes discontinues a transformé la génétique en un instrument indispensable à l'élevage moderne. Ces formes moléculaires multiples sont régies par quelques gènes, et plus précisément par leurs différents allèles, situés sur un locus unique du chromosome. Ces allèles codominants sont transmis de génération en génération selon les lois de Mendel. Ainsi la simplicité de ce mode de transmission destinait l'étude des polymorphismes biochimiques à jouer un rôle déterminant en zootechnie, notamment dans les efforts faits pour améliorer le bétail.

Dans ce bref article, nous avons voulu seulement esquisser quelques aspects de l'analyse qualitative des variations génétiques des protéines sériques du porc et présenter l'intérêt évident de ses applications dans l'élevage porcin suisse.

Nous avons résumé dans un tableau synoptique l'ensemble des protéines sériques polymorphiques du porc, en mentionnant les différents allèles à chaque locus, découverts jusqu'à ce jour, et la technique d'identification des phénotypes utilisée (tableau d'après Hesselholt, 1969) :

Protéine	Locus	Allèles	Technique
Transferrine	Tf	Tf ^A , Tf ^B , Tf ^C , Tf ^D	Electrophorèse sur gel d'amidon
Hémopexine	Hpx	Hpx ⁰ , Hpx ¹ , Hpx ² , Hpx ³ , Hpx ^{3F} , Hpx ⁴	
Préalbumine	Pa	Pa ^A , Pa ^B	
Céruroplasmine	Cp	Cp ^A , Cp ^B	
Amylase	Am	Am ^A , Am ^{Bf} , Am ^B , Am ^C	Sérologie
Slow-alpha ₂ -globuline	Sα ₂	Sα ₂ ^A , Sα ₂ ^B , Sα ₂ ^C	
Albumine	Alb ₁	Alb ₁ ^A , Alb ₁ ^B , Alb ₁ ⁰	
Gamma-globuline	Gl	Gl ^a , Gl ^b	

La transferrine ou bêta₁-globuline du sérum est responsable de décharger la ferritine de son fer et de le transporter à l'hémoglobine (Riva, 1960). Une variation génétique de la transferrine a été décrite pour la première fois en 1960 par Kristjansson. Deux allèles codominants Tf^A et Tf^B furent identifiés. En 1962 King puis Imlah (1964) observèrent une nouvelle fraction Tf^C chez le porc de la race Wessex. Schröffel décrivait en 1965 la présence de l'allèle Tf^D chez le porc de la race Yorkshire tchèque. Grâce aux radioisotopes et à leur détection par autoradiographie il fut prouvé que les bêta-globulines représentaient bien les transferrines polymorphiques (Giblett, Hickmann, Smithies, 1959).

Selon Müller-Eberhard et Cleve (1963), l'hémopexine semblait représenter un système supplémentaire à la liaison de l'hémoglobine dans les hémoglobinopathies. Ce point de vue est aujourd'hui contesté par Schulze et col. (1961) du fait de l'incapacité de l'hémopexine de lier de l'hémoglobine. En effet, les travaux d'un grand nombre de chercheurs français ont permis la distinction entre l'hémopexine, bêta₁-globuline du sérum, qui ne lie que l'hématine et l'haptoglobine ou alpha₂-globuline du sérum, qui lie l'hémoglobine. Cette dernière est polymorphique chez l'homme et y joue un grand rôle en médecine légale. Chez le porc, aucune variation n'a pu être observée jusqu'à ce jour. Contrairement à l'hémopexine humaine qui est homogène, celle du porc offre une grande hétérogénéité. Kristjansson (1961) a démontré l'existence de quatre fractions se colorant à la benzidine. Deux autres furent détectées par Schröffel (1965) et Hesselholt et Hristić (1966) à l'aide d'une technique améliorée d'électrophorèse sur gel d'amidon. Ainsi 20 phénotypes sur 21 théoriques ont été observés chez le porc amélioré danois (Kristjansson, 1968).

La céruloplasmine ou alpha₂-globuline, qui forme un complexe avec le cuivre, lie environ 95% du cuivre sérique. Imlah (1964) a pu démontrer son hétérogénéité à l'aide du PPD, dont l'oxydation due à l'oxydase de la céruloplasmine donne naissance à un composant fortement coloré. La théorie de deux allèles codominants, Cp^A et Cp^B a été vérifiée à l'aide de l'analyse génétique.

Les préalbumines constituent les fractions des protéines dont la migration électrophorétique sur le gel d'amidon est plus rapide que celle de l'albumine. Deux composants, un rapide, Pa^A et un lent Pa^B furent détectés. Les trois phénotypes théoriques ont été identifiés (Kristjansson, 1963, et Schröffel, 1965).

En 1960, Ashton a décrit la présence de trois composants ayant une activité amylasique. Une quatrième fraction a été découverte par Hesselholt (1965) dans une famille de porc amélioré hollandais. Une autre fraction apparaissait encore à la ligne d'insertion (Kristjansson, 1968). Grâce à une analyse des relations entre l'amylase polymorphique et cette dernière fraction, à l'aide de l'électrophorèse sur papier et sur gel d'amidon-agar et une technique d'électrophorèse à deux dimensions, il est possible de conclure que l'amylase polymorphique représente le cas d'un enzyme lié à une protéine polymorphique dont elle sert de révélateur, tandis que l'amylase située sur la ligne d'insertion correspond au produit de sécrétion du pancréas, du foie et des glandes salivaires lié à la gamma-globuline (Hesselholt, 1968).

Matériel

Les sérums analysés proviennent d'animaux des deux races suisses, le grand porc blanc et le porc amélioré. Des premiers, nous avons analysé 131 échantillons et 57 des seconds.

Tous les individus proviennent de porcheries reconnues sous contrôle du Service Sanitaire Porcin et sont reconnus par des syndicats d'élevage. La répartition géographique des échantillons correspond à celle des deux races : le grand porc blanc dans la moitié ouest de la Suisse, le porc amélioré dans la moitié est du pays.

Méthode

Il serait long et fastidieux de traiter séparément de chacune des méthodes utilisées pour les différents systèmes. Nous nous contenterons de mentionner quelques éléments de détail.

Nous avons utilisé l'électrophorèse sur gel d'amidon dont les systèmes tampons ont été repris de Kristjansson (1960). Trois colorants ont été utilisés, l'amido-black-nigrosine, 1 : 1 pour les Tf et les Pa, le PPD pour l'amylase et les céruloplasmines et la benzidine pour les hémopexines. L'identification de ces dernières nécessitait un traitement préalable à l'électrophorèse. Nous avons mélangé une partie d'une solution d'hémoglobine aviaire à 10 parties de sérum à analyser. Cette solution était préparée en hémolysant des érythrocytes de poulet par réfrigération à moins 20 degrés C, après les avoir lavés 5 fois avec une solution d'eau physiologique. Le mélange de l'hémoglobine et du sérum était incubé à 37 degrés C durant 30 minutes.

Résultats et discussion

Nous donnons dans les tableaux 1 et 2 les fréquences géniques des allèles des différents systèmes. Avant de les commenter, il convient de préciser que ces résultats doivent être considérés avec un esprit critique, du fait du petit nombre d'individus analysés. Notre but n'est pas de donner ici des valeurs définitives, mais de signaler l'intérêt que pourrait avoir une étude plus approfondie de ces polymorphismes.

Tableau 1 Distribution des génotypes au locus des céruloplasmines, de l'amylase, des transferrines, de l'hémopexine et des préalbumines et répartition des fréquences géniques des différents allèles chez le grand porc blanc.

Système	Génotypes	Observés	Fréquences géniques
Cp	AA	0	qCp-B = 1,0000
	AB	0	
	BB	151	
Am	AA	2	pAm-A = 0,0954 qAm-B = 0,9008 rAm-C = 0,0038
	AB	20	
	AC	1	
	BB	108	
	BC	0	
Tf	CC	0	pTf-A = 0,1091 qTf-B = 0,8909
	AA	2	
	AB	5	
Hpx	BB	48	pHpx-1 = 0,7368 qHpx-2 = 0,0526 rHpx-3 = 0,1316 sHpx-0 = 0,0790
	1-1	9	
	1-2	2	
	1-3	5	
Pa	0-1	3	pPa-A = 0,6016 qPa-B = 0,3984
	AA	13	
	AB	51	

Tableau 2 Distribution génotypique des céruloplasmines, de l'amylase et des transferrines chez le porc amélioré.

Cp	AA	0
	AB	0
	BB	57
Am	AA	0
	AB	12
	AC	1
	BB	37
	BC	3
Tf	CC	0
	AA	0
	AB	0
	BB	36

Dans aucune des deux races, nous n'avons pu observer l'allèle Cp^A, cela ne signifie pourtant pas qu'il soit absent. L'analyse d'un matériel plus grand est nécessaire pour pouvoir tirer une conclusion. Il en est de même pour les transferrines chez le porc amélioré, où seul l'allèle Tf^B a été décelé.

Quant aux préalbumines, nous n'avons observé que 2 phénotypes sur 3 théoriques. La présence du phénotype homozygote Pa-B n'en est pas exclue pour autant.

La plus grande variabilité nous est offerte par l'amylase et les hémopexines, grâce aux nombreux allèles décelés et malgré l'apparente prédominance des allèles Am-B et Hpx-1 sur les autres.

L'intérêt pratique de l'étude des polymorphismes biochimiques résidant dans son application dans les problèmes de généalogie, nous avons tenté une estimation de la probabilité d'exclusion P (voir le tableau 3) de chacun des systèmes étudiés dans le grand porc blanc.

(Ces valeurs doivent être naturellement considérées comme provisoires.)

Tableau 3 Tableau comparatif des valeurs de P des différents systèmes chez le grand porc blanc et estimation des valeurs combinées de P.

Am	0,0633
Tf	0,0622
Hpx	0,2432
Pa	0,2390
Valeur combinée de P	0,5257

Selon la formule décrite par Jamieson (1965) pour un système contenant un nombre n de gènes alléomorphes codominants :

$$P_n = \sum p(1-p)^2 - \sum (p_i \cdot p_j)^2 [4 - 3(p_i + p_j)]$$

où, $i > j$

P = probabilité

n = nombres d'allèles

p = fréquences géniques observées

La valeur combinée de P a été estimée à l'aide de la formule de Wiener et col. (1930) :

$$P = 1 - [(1 - P_{Am}) (1 - P_{Tf}) (1 - P_{Hpx}) (1 - P_{Pa})]$$

où, P = valeur combinée de P

$P_{Am}, P_{Tf}, P_{Hpx}, P_{Pa}$ = probabilités des différents systèmes calculées selon la formule de Jamieson (1965)

L'utilisation de cette formule implique que ces 4 systèmes soient indépendants. Des études dans ce sens tendent à prouver que chez le porc les systèmes biochimiques Hpx, Am, Tf et Pa sont indépendants.

Ainsi, d'après le tableau 3, il apparaît que dans un cas de paternité ou de maternité douteuse chez le grand porc blanc les chances d'exclusion s'élèvent à environ 52,5%.

Applications dans l'élevage

Regardons de plus près l'application de la détermination des groupes sériques dans l'élevage porcin.

En 1969, 78 verrats des deux races suisses, 44 représentants du porc amélioré et 34 représentants du grand porc blanc ont été testés à la Station suisse pour les épreuves d'engraissement et de rendement à l'abattage du porc à Sempach. Chaque année le nombre des verrats en testage est plus élevé; ces animaux et leurs descendants atteignent sur le marché des prix très élevés. La détermination des groupes sériques chez ces animaux offrirait à l'acheteur une assurance supplémentaire de leur ascendance et éviterait que de regrettables confusions ou malveillances se produisent.

Cette méthode de laboratoire trouverait aussi son application dans la recherche en paternité, et cela dans les exploitations toujours plus nombreuses qui emploient plusieurs verrats et dans lesquelles l'ascendance paternelle d'une nichée est parfois incertaine. Un autre champ d'application est offert par le développement de l'insémination artificielle, la recherche en paternité dans les cas de double insémination en serait de beaucoup facilitée.

D'après le tableau 3, nous constatons que le taux de probabilité est de 52,5% pour un très petit échantillonnage. Il serait intéressant d'obtenir des résultats définitifs en analysant un grand nombre de porcs, car l'analyse seule des polymorphismes biochimiques du porc semble suffisante et permet d'éviter l'analyse des groupes sanguins dont la technique est complexe, les résultats incertains et le coût très élevé.

Remerciements

Nous remercions Monsieur le Dr H. Dinklage de Göttingen, qui a bien voulu nous transmettre divers sérums testés. Notre reconnaissance va également à Mademoiselle A. Aeberhardt pour son aide technique.

Résumé

Dans cet article, les auteurs ont esquissé quelques aspects de l'analyse qualitative des variations génétiques des protéines sériques du porc. Les fréquences géniques de divers systèmes polymorphiques (céruoplasmines, amylases, transferrines, hémopexines et préalbumines) ont été estimées chez le grand porc blanc, ainsi que l'efficacité de ces systèmes dans les problèmes de généalogie. Vu le petit nombre d'échantillons analysés, ces valeurs doivent être considérées comme provisoires.

L'intérêt de ces polymorphismes biochimiques dans l'élevage porcin suisse et leur champ d'applications sont discutés à l'aide de quelques exemples.

Zusammenfassung

Die Verfasser geben einige Aspekte der qualitativen Analyse der Erbvariationen der Serumproteine des Schweines. Das Vorkommen verschiedener polymorpher Systeme (Ceruloplasmine, Amylase, Transferrine, Hemopexine und Präalbumine) wurden beim großen weißen Schwein untersucht, ebenso die Wirksamkeit dieser Systeme in den Erbverhältnissen. In Anbetracht der kleinen Zahl der analysierten Proben müssen die gefundenen Werte als provisorisch angesehen werden. Das Interesse dieser biochemischen Polymorphismen für die schweizerische Schweinezucht und das Gebiet ihrer Anwendung werden anhand einiger Beispiele erörtert.

Riassunto

Gli autori danno qualche aspetto delle analisi qualitative delle variazioni ereditarie delle proteine del siero di maiale. La presenza di diversi sistemi polimorfi (ceruloplasmine, amilasi, transferrine, emopexine, prealbumine) venne esaminata nel grande maiale bianco, e venne esaminata la validità di questi sistemi nei rapporti ereditari. A causa del debole numero di casi analizzati i valori trovati devono esser considerati come provvisori. L'interesse di questi polimorfismi biochimici per l'allevamento suino in Svizzera ed il campo del suo impiego sono illustrati con alcuni esempi.

Summary

The authors give some aspects of the qualitative analysis of hereditary variation of the serum proteins in the pig. The occurrence of different polymorphous systems (ceruloplasmin, amylase, transferrin, hemopexin and prealbumin) in the Large White pig were examined, as well as the effectiveness of these systems in hereditary conditions. Because of the small number of samples analysed the results must be regarded as provisional. The interest of these biochemical polymorphisms for Swiss pig-breeding and the area of their application are discussed with some examples.

Littérature

Ashton G.C.: Threadprotein and beta-globulin polymorphism in the serum proteins of pigs. *Nature*, London 186, 991-992 (1960). – Buschmann H. und Schmid D.O.: Serumgruppen bei Tieren, Verlag Paul Parey 1968. – Buschmann H.: Blutgruppenforschung beim Schwein. Untersuchung über die Bedeutung der erbbiologischen Abstammungskontrolle für die Schweinezucht. *Zschr. f. Tierzüchtung und Zücht. biol.* 80/3, 208-215 (1964). – Buschmann H. und Kräusslich H.: Untersuchung über die Doppelbefruchtung von Sauen mit anschließender Überprüfung der Abstammung an Hand des Blutgruppentestes. *Züchtungskunde* 36/3, 97-105 (1964). – Dinklage H.: Das Serum-Amylase-System des Schweines und seine Bedeutung für den Elternschaftsnachweis beim deutschen veredelten Landschwein. *Züchtungskunde* 40/3, 228-231 (1968). – Hesselholt M.: Serumprotein polymorphism in swine: Electrophoretic identification, genetic and application. Munksgaard-Copenhagen 1969. – Imlah P.: A study of blood groups in pigs. *Proc. 9th Europ. Anim. Blood Grp. Conf. Prague*, 109-122 (1964). – Jamieson J.: The application of a blood group formula. *Proc. 10th. Europ. Anim. Blood Grp. Conf. Paris*, 461-463 (1966). – Jahresbericht 1969 des Schweiz. Zuchtverbandes für das veredelte Landschwein. *Der Kleinviehzüchter* 5, 132-141 (1969).