

Diversité génétique du porc local en Afrique : Revue de littérature

Boniface Aristide YAMEOGO^{1*},
Alima COMBARI²,
Arnaud Stéphane Rayangnéwendé TAPSOBA²,
Gniné Fabiola TRAORE²,
Balé BAYALA¹, Amadou TRAORE²

Résumé

Cet article propose une revue systématique de la diversité génétique des porcs locaux africains, dans un contexte de forte croissance du cheptel et de pression accrue des races exotiques. Il vise à actualiser les connaissances sur les populations porcines locales, à partir des approches de caractérisation phénotypique et moléculaire, afin de contribuer aux stratégies de conservation et d'amélioration génétique. La recherche bibliographique a été conduite sur plusieurs bases (Google Scholar, PubMed, ScienceDirect, Web of Science, Scopus, GenBank, AJOL). Elle a ciblé les travaux portant sur les porcs locaux africains, la diversité génétique, les marqueurs (microsatellites, SNP, ADNmt) et les analyses de structure (He, Ho, richesse allélique, signatures de sélection). Les études phénotypiques ont montré une grande variabilité morphologique intra et inter-populations ; un petit format corporel récurrent, une forte hétérogénéité des robes, des différences marquées entre zones et systèmes de production, avec des indices d'introgression de races européennes dans plusieurs régions. Les travaux moléculaires ont révélé des niveaux de diversité modérés à élevés, une admixture fréquente avec des génotypes commerciaux, des ascendances multiples (européennes et asiatiques) ; des signatures génomiques associées à la tolérance à la peste porcine africaine, la résilience et à l'adaptation au climat. L'ensemble des résultats souligne un double enjeu pour valoriser ce potentiel pour des programmes de sélection et de croisement contrôlés et surtout limiter l'érosion des lignées locales par une gestion encadrée de l'introgression. Une bonne combinaison des données morphologiques et génétiques pourrait contribuer au développement de programmes de gestion communautaire des ressources génétiques porcines.

Mots clés : Porcs locaux africains ; Diversité génétique ; Caractérisation

¹ Université Joseph KI-ZERBO, Laboratoire de Physiologie Animale (LAPA), Ouagadougou, Burkina Faso 03 BP 7021 Ouagadougou 03 Burkina Faso. Tél : +226 25 30 70 63

² Centre National de la recherche Scientifique et Technologique (CNRST), Institut de l'Environnement et de Recherches Agricoles (INERA), Département Productions Animales (DPA), Laboratoire de Biologie et de Santé Animale (LaBioSa) Ouagadougou, Burkina Faso

***Auteur Correspondant :** Boniface Aristide YAMEOGO ; aristyl35@yahoo.com; Tel : + 226 71715333. ORCID : <https://orcid.org/0009-0007-0997-4919>.

DOI : <https://doi.org/10.64707/revstsna.v45i01.2266>

phénotypique ; Marqueurs moléculaires ; Introgression ; Sélection.

Genetic diversity of local pigs in Africa: Literature review

Abstract

This article presents a systematic review of the genetic diversity of African local pigs in a context of rapid herd expansion and increasing pressure from exotic breeds. It aims to update current knowledge on local pig populations using both phenotypic and molecular characterization approaches, in order to inform conservation and genetic improvement strategies. A comprehensive literature search was conducted in several databases (Google Scholar, PubMed, ScienceDirect, Web of Science, Scopus, GenBank, AJOL), targeting studies on African local pigs, genetic diversity, molecular markers (microsatellites, SNPs, mitochondrial DNA) and population structure analyses (He, Ho, allelic richness, selection signatures). Phenotypic studies consistently reported high intra- and inter-population morphological variability, a recurrent small body size, marked coat color heterogeneity and clear differences between geographical areas and production systems, together with evidence of introgression from European breeds in several regions. Molecular investigations revealed moderate to high levels of genetic diversity, frequent admixture with commercial genotypes and multiple ancestries of European and Asian origin, as well as genomic signatures associated with African swine fever tolerance, resilience and climate adaptation. Overall, the findings highlight a dual challenge: harnessing this genetic potential through selection and well-designed crossbreeding programs, while limiting the erosion of local lineages by regulating introgression from exotic breeds. An integrated use of morphological data and targeted genetic markers appears crucial to identify, monitor and conserve valuable local pig lineages and to support community-based management of pig genetic resources in Africa.

Keywords: African local pigs; Genetic diversity; Phenotypic characterization; Molecular markers; Introgression; Selection.

Introduction

Selon le Bureau Interafricain des Ressources Animales (Bira, 2015), la population animale était estimée à environ 304 millions de bovins, 1,825 milliard de volailles, 347 millions de caprins, 328 millions d'ovins et 35 millions de porcins. Le cheptel porcin a quant à lui quasiment doublé en quinze ans depuis les années 2001 où il était estimé à environ 19 millions de tête au niveau africain (Fao, 2001). L'élevage porcin est une activité importante en Afrique, où il contribue significativement à la sécurité alimentaire et au développement dans les milieux ruraux notamment dans les régions tropicales (Logtene *et al.*, 2009 ; Fao, 2012). Il joue un rôle social et économique très important dans les petites exploitations familiales, représentant ainsi une épargne sur pied, une banque sur laquelle compter en période de crise et aussi

lors des cérémonies traditionnelles pour satisfaire les besoins en viande. (Porphyre et Bastianelli, 2019).

En Afrique, le Nigéria (8 millions de têtes) ; le Malawi (7 millions de têtes) ; l'Angola (3.6 millions de têtes) ; le Burkina Faso (2.6 millions de têtes) et l'Ouganda (2.6 millions de têtes) détiennent les plus gros effectifs porcins (Faostat, 2019). En général, dans les régions africaines, la race la plus élevée est la race locale avec environ 60% pour le cas du Burkina Faso (Kiendrebeogo *et al.*, 2012). Son adaptabilité aux conditions socio-économiques, climatiques (Agbokounou *et al.*, 2016) et aussi sa résistance avérée face aux parasites et à certaines maladies infectieuses du porc (Muys *et al.*, 2003; Penrith *et al.*, 2004; Abenga et Lawal, 2005) pourraient en faire un bon choix d'élevage au vu de certaines contraintes liées à l'accès aux races exotiques. Les races locales jouent un grand rôle dans le développement des différents systèmes de production en Afrique subsaharienne où les conditions climatiques et environnementales sont défavorables à la survie et aux performances de production des races exotiques qui y sont importées (Ayizanga, 2016). En général, le porc local de par son cycle court de production et son adaptation à nos conditions d'élevage se positionne résolument comme une alternative de choix dans les politiques de développement de l'élevage dans nos pays. Cependant, fort est de constater que malgré toutes ces perspectives, le secteur porcin se heurte à une montagne de difficultés d'ordres socio-culturel (élevage en zone urbaine, contraintes religieuses) ; sanitaire (zoonoses) et technique (alimentation, reproduction, génétique) (Porphyre, 2009).

Malgré cette importance numérique du cheptel observée à l'échelle africaine, on note une grande disparité dans la répartition des effectifs porcins à travers le continent, couplée à plusieurs descriptions du porc local africain variant délicatement d'une région à l'autre (D'Orgeval, 1997). Ces dernières années, l'introduction de races exotiques sur le continent et leur croisement avec les races locales accentue le risque d'érosion génétique et cette dynamique donne naissance à une diversité de souches porcines (Tapsoba *et al.*, 2023). Toutefois, nous constatons qu'il existe peu ou pas de données fiables sur les populations porcines locales et les progrès génétiques afférents. En Afrique en général, au Burkina Faso en particulier, les porcs locaux présentent une morphologie variée, suggérant une diversité génétique importante qui nécessite une caractérisation approfondie (Tapsoba *et al.*, 2023).

Bien que les porcs locaux soient une source de subsistance essentielle

dans nos communautés, peu d'études ont été réalisées sur la diversité génétique au sein de ces populations à nos jours.

Quelques auteurs mentionnent que les porcs domestiques d'Afrique proviennent de centres de domestications (foyers d'élevage initiaux) distincts, ce qui soulève des questions sur leur structure génétique et leur développement ultérieur (Mujibi *et al.*, 2018). Une actualisation globale des études et connaissances sur la diversité génétique des porcs locaux reste donc cruciale pour l'amélioration des races et la préservation des ressources génétiques animales. De ce fait, nous proposons de faire un état des lieux des différentes études menées sur les porcs locaux en Afrique et également les méthodes de caractérisation génétiques (phénotypique et moléculaire) utilisées. Cette revue pourrait, non seulement enrichir notre compréhension de la génétique du porc local africain, les progrès engrangés et aussi contribuer à la mise en place de programmes de sélection plus efficaces et adaptés aux défis techniques, sanitaires et environnementaux actuels.

I. Matériel et méthodes

I.1. Zone d'étude

La recherche bibliographique a concerné les zones qui ont déjà réalisé des travaux sur la diversité des populations porcines à travers le continent africain. Il est à noter que l'Afrique abrite des populations porcines locales très riches en diversité génétique (sur plan phénotypique et moléculaire), adaptées aux environnements tropicaux et aux maladies comme la peste porcine (PPA). Ces données ont rendu le continent idéal pour des études sur la résilience génétique des porcs. Certaines études moléculaires ont couvert l'Afrique avec notamment des données relatives aux hétérozygoties observée (H_o) et attendue (H_e). A l'Ouest; (Nigéria $H_o=0,41$; Ghana $H_e=0,723$), au Sud (Afrique du Sud $H_o=0,299-0,385$) et à l'Est (Kenya $H_o=0,23-0,33$) ; avec parfois, une faible différenciation populationnelle due à des troupeaux isolés mais interconnectés (Hlongwane *et al.*, 2020). Les données sur les hétérozygoties restent des indicateurs fondamentaux en génétique qui permettent de mesurer la diversité génétique au sein d'une population.

I.2. Méthodes

Cette revue systématique a été conduite selon un protocole préétabli. Une recherche bibliographique exhaustive couvrant une période de six

mois, (sept-2024 à fév-2025), a été effectuée sur Google Scholar, PubMed, ScienceDirect, Web of Science, Scopus, GenBank et complétée par une recherche de littérature grise (AJOL, Thèses, Rapports, etc.) ; (Houaga *et al.*, 2023). Les stratégies de recherche documentaire ont combiné des termes relatifs aux porcs locaux et à la diversité génétique (« local pigs » and « genetic diversity » or « microsatellite/SNP »), adaptées aux pays africains. Les études ont été sélectionnées et les données ont été extraites. Ces données ont inclus, la localisation, l'échantillonnage, les marqueurs de diversité génétique (H_e , H_o , allelic richness), les analyses structurales, les tests de sélection et les données brutes. Les résultats ont été présentés sous forme narrative (caractérisations phénotypique et moléculaire et de tableaux (méthodes de caractérisation moléculaire et marqueurs utilisés en Afrique).

II. Résultats

II.1. Approches de caractérisation des ressources génétiques

Nos résultats proposent une synthèse des différents travaux réalisés sur le porc local au niveau africain sur le plan phénotypique et moléculaire et quelques méthodes de caractérisation moléculaires déjà réalisées. A ce jour, les approches phénotypique et moléculaire sont restées les méthodes de caractérisation des ressources génétiques les plus utilisées. Dans le contexte africain, des études de caractérisation ont concerné les deux approches citées plus haut. Sur le plan phénotypique (morphologique) quelques races de porc ont été décrites en Afrique de l'Ouest (Kiendrebeogo *et al.*, 2012; Djimenou *et al.*, 2018; Youssao Abdou Karim *et al.*, 2018; Arthur *et al.*, 2018; Traoré et Tapsoba, 2018), de l'Est (Mbagha *et al.*, 2005) et en Afrique du Sud (Swart *et al.*, 2010; Halimani *et al.*, 2012). Ces descriptions ont concerné essentiellement les aspects qualitatifs (descriptions phénotypiques) et quantitatifs (mesures corporelles) des races locales, des métissées et des exotiques. Sur le plan moléculaire certains auteurs ont suggéré que des races exotiques ont été importées et exploitées dans les différents pays d'Afrique de l'Ouest (Traore et Tapsoba, 2018). L'analyse de l'ADN mitochondrial de quelques porcs africains a notamment permis de révéler leurs origines multiples et leurs relations avec les porcs d'Europe et d'Asie (Adeola *et al.*, 2017).

II.2. Caractérisation phénotypique

La caractérisation phénotypique (morphologique) du porc local en Afrique reste importante pour l'évaluation et la gestion des ressources génétiques porcines. Elle fournit une description détaillée de la variabilité morphologique et des traits qualitatifs intra et inter-populations. Cette approche a été utilisée dans quelques pays africains selon les lignes directrices de la FAO sur la caractérisation phénotypique des ressources zoo-génétiques (FAO, 2013). Plusieurs auteurs se sont penchés sur la question avec des publications descriptives à cet effet.

Les principales études qui ont été publiées entre 2005 et 2024 ont montré une progression méthodologique et une extension géographique des travaux de caractérisation phénotypique des porcs africains. Les premières recherches (Mbaga *et al.*, 2005; Swart *et al.*, 2010; Halimani *et al.*, 2012; Kiendrebeogo *et al.*, 2012; Djimenou *et al.*, 2018) ont proposé principalement des inventaires de descriptions morphologiques dans des contextes nationaux (Tanzanie, Afrique australe, Burkina Faso, Bénin). A partir de 2018, les travaux ont intégré plus systématiquement les systèmes de production et des analyses multivariées (Arthur *et al.*, 2018; Youssao Abdou Karim *et al.*, 2018), pour franchir un autre cap en 2024 en combinant les mesures morphométriques et des approches statistiques avancées (Tapsoba *et al.*, 2023). La répartition spatiale a couvert l'Afrique de l'Ouest, de l'Est et australe, avec un échantillonnage majoritairement villageois (systèmes extensifs) et des études ciblées en élevage semi-intensifs et intensifs lorsque des génotypes exotiques étaient présents.

Les méthodes ont concerné l'utilisation des mesures morphométriques standards (poids vif, longueur corporelle, hauteur au garrot, périmètre thoracique) et sur l'enregistrement des caractères qualitatifs (couleur de la robe, forme des oreilles, profil de la tête, ligne du dos, queue, présence de défenses). Il faut noter que la profondeur des analyses a également varié. Certaines études se sont limitées à des descriptions et fréquences, tandis que d'autres ont appliqué une ACP (Analyse en Composantes Principales), une Classification Hiérarchique et une Analyse Discriminante Linéaire (Tapsoba *et al.*, 2023). Cependant, peu d'études ont associé de façon systématique les données phénotypiques à des marqueurs moléculaires (Swart *et al.*, 2010), ce qui a limité l'interprétation génétique de certains traits observés.

Plusieurs traits ont été décrits de manière récurrente. Le petit format corporel a été une constante chez les porcs locaux de différentes régions

(Mbaga *et al.*, 2005; Kiendrebeogo *et al.*, 2012; Halimani *et al.*, 2012; Djimenou *et al.*, 2018; Tapsoba *et al.*, 2023) en Afrique de l'Ouest, de l'Est et australe. La variabilité de la robe a été importante avec une dominance des robes foncées en Afrique australe, des palettes mixtes (blanc, pie, noir) en Tanzanie et une diversité marquée au Burkina Faso et au Bénin. Les oreilles tombantes et le profil de tête long et rectiligne ont été fréquemment décrits en contexte villageois, tandis que les populations influencées par ces races améliorées (Landrace, Large White, Korhogo) ont montré des caractères de grand format, des oreilles souvent dressées et un potentiel reproducteur élevé (Kiendrebeogo *et al.*, 2012; Arthur *et al.*, 2018). D'autres traits qualitatifs (poils lisses, queue enroulée, présence variable de défenses) ont été interprétés comme des adaptations locales à la thermorégulation et aux contraintes environnementales (Halimani *et al.*, 2012).

Plusieurs auteurs ont rapporté une forte hétérogénéité intra-population, attribuée principalement à des introgressions historiques, à l'absence de plan d'accouplements organisés et aux flux d'animaux entre régions (Mbaga *et al.*, 2005; Youssao Abdou Karim *et al.*, 2018; Tapsoba *et al.*, 2023). Tapsoba *et al.* (2023) ont documenté une différenciation morphologique notable entre zones géographiques et un dimorphisme sexuel marqué ; indiquant une structuration spatiale de la variation phénotypique. Quant aux croisements incontrôlés et l'introduction croissante de génotypes exotiques, ils ont été identifiés comme des menaces potentielles à la conservation des traits locaux (adaptation aux systèmes extensifs et aux climats chauds). Les systèmes intensifs et semi-intensifs ont favorisé la présence de races améliorées ou croisées (Large White, Landrace, Korhogo) ; caractérisées par un grand format et une forte prolificité (Kiendrebeogo *et al.*, 2012; Arthur *et al.*, 2018). En milieu villageois, la dominance des porcs locaux s'accompagne d'une rusticité apparente mais d'une productivité modérée à faible et de fortes mortalités liées aux conditions d'élevage. Les objectifs de production et la limitation des moyens pourraient expliquer en partie la distribution des phénotypes observés et les dynamiques d'introgression. Les données recensées ci-dessus ont fourni des renseignements importants sur les porcs locaux, malgré la faible répartition géographique des études à travers le continent. Les données moléculaires viennent consolider les acquis déjà engrangés à travers les données phénotypiques.

II.3. Caractérisation moléculaire

Plusieurs marqueurs ont déjà été utilisés pour les études sur la diversité génétique des porcs en Afrique, une synthèse a été faite sur ces études et le rendu des marqueurs utilisés (Tableau I). Les marqueurs RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) et AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) ont été considérés comme des techniques relativement simples à mettre en œuvre, peu coûteuses et ne nécessitant aucune connaissance préalable du génome (Chebbi *et al.*, 1995). Cependant, la reproductibilité a été faible, due à une variation des amorces avec un risque de confusion entre polymorphisme neutres et adaptatifs (Ollivier *et al.*, 2000). Quant aux microsatellites, ils ont présenté un niveau élevé de polymorphisme, ce qui les a rendu particulièrement adaptés pour certaines études sur la diversité génétique inter et intra-population (Ollivier *et al.*, 2000). Ils ont été très utiles pour la traçabilité et l'identification des lignées. Cependant ils coûtent assez cher et leur utilisation nécessite des équipements spécialisés (FAO, 2013) avec une standardisation difficile entre laboratoires (Ollivier *et al.*, 2000). L'utilisation des SNP et des techniques de séquençage a offert une précision élevée pour la détection des mutations ponctuelles associées à des caractères d'intérêt (tels que la résistance à la PPA) (FAO, 2008). Ils ont également été très compatibles avec les approches génomiques modernes. Cependant, pour la plupart des pays africains, l'investissement initial a été prohibitif et son utilisation a manqué d'expertise technique (FAO, 2008). Dans le contexte africain, l'utilisation conjointe des données morphologiques (Low-cost) et moléculaires (haute résolution) a permis sans doute de palier aux limites individuelles, comme démontré dans l'étude de Tapsoba *et al.* (2023) au Burkina Faso. Les quelques limites systémiques pourraient s'apparenter au manque de laboratoires de pointe pour les analyses ADN notamment en Afrique de l'Ouest (FAO, 2008) et également l'absence de bases de données génomiques locales pour interpréter les résultats moléculaires (Ollivier *et al.*, 2000).

II.4. Synthèse des principaux travaux réalisés

Cette synthèse explore l'état actuel des connaissances et les études en lien avec la diversité génétique porcine en Afrique afin d'identifier les besoins futurs en recherche. La caractérisation ethnologique des porcs africains a révélé une diversité significative avec des dénominations variées selon les régions. Parmi ces races pures africaines documentées, on a retrouvé le *Somo* au Mali ; le *Bakossi* au Cameroun ; l'*Ashanti*

dwarf pig au Ghana ; le *West african dwarf pig* au Nigéria ; le *Kolbroek* en Afrique du Sud ; le *Mukota* au Zimbabwe ; au Mozambique et en Zambie ; le *Bush pig* au Togo ; le *Houéhan* ou *Gounouhan* au Sud du Bénin ; le *Kibiriti Pig* en Centrafrique et au Congo ; le *Criollo pig* à Sao Tomé ; le *Bonga pig* en Ethiopie ; l'*Homabay* et *busia pig* au Kenya ; le *Desert Warthog* en Namibie ; et le *Tswana* au Botswana (FAO, 2001; Pius *et al.*, 2024).

Tableau I : Comparaison des méthodes de caractérisation moléculaire

Critère	Morphologique	Moléculaires (RAPD/AFLP/Microsatellites)	SNP/Génomique
Coût	Faible (Tapsoba <i>et al.</i> , 2023)	Modéré (Chebbi <i>et al.</i> , 1995; Ollivier <i>et al.</i> , 2000)	Elevé (Fao, 2008)
Délai	Rapide	Moyen	Long
Résolution	Faible	Moyenne	Haute
Applicabilité terrain	Elevée	Limitée (Infrastructures)	Très limitée
Potentiel pour la sélection génétique	Indirect	Modéré via la sélection assistée par marqueurs	Elevé via la sélection génomique

Il est à noter, l’existence d’une distinction génétique marquée, entre les régions africaines. Les porcs d’Afrique de l’Ouest, particulièrement ceux du Nigéria et du Benin ont présenté exclusivement des allèles européens, tandis que les porcs d’Afrique de l’Est ont montré une empreinte génétique mixte européenne et asiatique avec une intensité similaire (Agbokounou *et al.*, 2016). Ces différences ont témoigné du fait que les races porcines locales d’Afrique proviennent principalement du Proche-Orient via l’Egypte et de l’Extrême-Orient dans le cadre des échanges commerciaux avec l’océan Indien. L’influence génétique européenne, quant à elle, a été liée à l’introduction du porc ibérique durant la période coloniale (FAO, 2013; Agbokounou *et al.*, 2016). Les figures (Fig. 1 et 2) ci-dessous illustrent deux porcs locaux du Burkina Faso avec deux colorations différentes de robes (pie-noire et grise).

Ces dernières années, les travaux réalisés sur la diversité génétique porcine en Afrique ont montré une progression nette des méthodes utilisées, allant des marqueurs classiques (électrophorèse, microsatellites) vers des approches génomiques à haute intensité (SNP, analyses des signatures de sélection). Dès 2003, (Rothschild, 2003) a posé les bases, en proposant une revue de référence décrivant les

principales méthodes de mesure de la diversité génétique porcine (microsatellites, SNP, ADN mitochondrial). Il a insisté sur la nécessité d'élargir les approches pour appréhender non seulement la diversité génétique neutre, mais aussi la diversité fonctionnelle des races de porc. Par la suite, les études centrées sur les porcs africains se sont succédé avec des objectifs plus ciblés sur la comparaison des porcs locaux et des races commerciales, la reconstruction des origines, les liens avec les traits adaptatifs (tolérance à la PPA, adaptation au climat) et à l'identification des signatures de sélection.



Figure 1 : Porc local (mâle) du Burkina Faso ; robe pie-noire. Source (Auteur)



Figure 2 : Porc local (femelle) du Burkina Faso ; robe grise. Source (Auteur)

Les premières études appliquées aux porcs africains se sont appuyées sur des outils relativement simples et peu coûteux. Ndofor-Foleng *et al.* (2015) au Nigéria, ont utilisé l'électrophorèse sur gel polyacrylamide pour analyser la diversité génétique entre porcs indigènes nigériens et Large White, en se basant sur des profils protéiques ou enzymatiques et le décompte de loci polymorphes. Ils ont mis en évidence 14 loci chez les porcs indigènes contre 10 chez les Large White, avec des similarités intra-race de 62% et 65% respectivement, avec une similarité inter-race de 48%, suggérant une dilution génétique modérée dans les deux populations.

A partir de 2017, les études ont mobilisé de plus en plus des marqueurs nucléaires et mitochondriaux. Adeola *et al.* (2017) ont combiné de l'ADN mitochondrial, le chromosome Y et le gène MC1R pour retracer l'origine des porcs indigènes nigériens, montrant une double ascendance européenne et est/sud-est asiatique. Mujibi *et al.* (2018) ont franchi un cap en utilisant des puces SNP (SNP60 et SNP80) pour caractériser la diversité génétique, la composition raciale et l'admixture de deux populations porcines domestiques (Busia et Homabay) au

Kenya. Plus récemment, Pius *et al.* (2024) et Hlongwane *et al.* (2024) ont exploité des panels SNP de haute densité et des méthodes de détection de signatures de sélection (iHS, XP-EHH, hapFLK), pour documenter la structure génétique ; les QTL impliqués dans des caractères d'intérêt économique et les gènes associés à l'adaptation et à la résilience.

Plusieurs auteurs se sont accordés sur l'existence d'une diversité génétique modérée à élevée au sein des populations porcines africaines, mais avec des niveaux variables d'introgression de races commerciales. Les travaux de Ndofor-Foleng *et al.* (2015) ont suggéré déjà un degré de similarité non négligeable entre porcs indigènes nigériens et Large White, interprété comme le reflet d'une dilution génétique réciproque. Adeola *et al.* (2017) ont confirmé cette tendance en montrant que les porcs indigènes nigériens présentent des haplotypes mitochondriaux et des signatures chromosomiques témoignant d'apports européens et asiatiques. Cette conclusion a remis en question l'idée de populations « purement indigènes ». Somenutse *et al.* (2021) ont également confirmé à travers des analyses moléculaires à l'aide de microsatellites, une forte diversité intra et inter-populations entre les porcs rencontrés sur le territoire togolais.

Mujibi *et al.* (2018) ont mis en évidence, grâce aux SNP, une forte admixture dans la population de Busia, marquée par une introgression significative de gènes provenant de races commerciales internationales. Cependant, la population de Homabay est apparue plus homogène, de type « indigène local », et génétiquement plus proche du sanglier européen que des suidés sauvages africains. Ces résultats ont illustré une situation où coexistent des noyaux relativement conservés et des populations largement mélangées, selon les dynamiques locales de croisement et d'introduction de génotypes exotiques. Plusieurs travaux ont explicitement relié la diversité génétique à des traits d'intérêt adaptatif ou sanitaire. Ils, ont observé dans les zones endémiques de PPA au Kenya, des porcs infectés par le virus mais sans symptômes cliniques, suggérant une certaine tolérance à la maladie. Les profils SNP ont révélé des signatures génétiques distinctes entre Busia et Homabay, indiquant que cette tolérance pourrait s'inscrire dans des contextes génétiques différenciés.

Au niveau continental, Pius *et al.* (2024) ont montré, à partir de données microsatellites et SNP, que les porcs locaux africains possèdent des architectures génétiques riches en signatures de sélection. Ces

signatures seraient associées à des caractères économiques et adaptatifs, notamment des traits liés à la résilience, à la résistance aux maladies et à l'adaptation aux changements climatiques. Hlongwane *et al.* (2024) ont de leur côté, mis en évidence chez les porcs sud-africains (races commerciales et locales comme Kolbroek et Windsnyer) des régions génomiques. Ces régions seraient soumises à la fois à la sélection naturelle et artificielle, en lien avec les systèmes de production intensifs ou villageois, et incluant des QTL impliqués dans la croissance, la composition corporelle et la rusticité.

Certaines études ont quant à elles illustré la nécessité de combiner les approches morphologiques et génétiques pour une compréhension complètes des populations porcines africaines. Youssao Abdou Karim *et al.* (2018), à travers une caractérisation morphométrique et phénotypique des porcs locaux au Bénin ont mis en évidence une forte diversité phénotypique et une différence marquée entre porcs locaux et croisés/améliorés. Ils ont recommandé le recours à des études de structure génétique pour comparer ces populations à d'autres déjà génotypées. De façon similaire, Tapsoba *et al.* (2023) ont montré, sur la base de mesures morphométriques du porc local burkinabè, une grande diversité morphologique entre communes, un dimorphisme sexuel prononcé et un flux de gènes entre populations. Ces informations plaident pour une intégration urgente de données moléculaires afin de préciser l'organisation génétique sous-jacente.

L'article d'Agbokounou *et al.* (2016) a posé un cadre ethnologique et zootechnique du porc local africain. Ils ont souligné sa rusticité, ses bonnes capacités d'adaptation et l'existence de caractères héréditaires d'intérêt (performances, morphologie, physiologie) pouvant servir de base à des programmes d'amélioration génétique. Pius *et al.* (2024) ont prolongé cette démarche à l'échelle continentale en dressant un état des lieux des ressources génétiques porcines africaines dans le contexte du changement climatique. Ils ont également montré que malgré une diversité génétique souvent modérée à élevée, la caractérisation des génotypes locaux reste incomplète et très hétérogène selon les pays.

Les travaux énumérés ci-dessus ont confirmé la vision initiale de (Rothschild, 2003). Pour ce dernier, la caractérisation des ressources génétiques porcines devrait dépasser la seule description des marqueurs neutres pour intégrer la diversité fonctionnelle, en combinant morphologie, génomique et données de performance. Ces informations convergent pour montrer que l'introgession de gènes de races

commerciales est répandue à travers le continent. Cependant, cette situation représente à la fois une opportunité (amélioration de performances) et un risque d'érosion des patrimoines génétiques locaux, en l'absence de cadres de gestion et de conservation adaptés aux réalités locales.

Les auteurs cités ci-dessus ont en général admis une grande limite quant à la disponibilité des données sur les races porcines africaines. Ils ont préconisé des études plus poussées à l'aide des méthodes modernes de caractérisation des ressources génétiques porcines. L'exploration de la génétique porcine en Afrique a révélé des résultats prometteurs (Tableau II), tout en soulignant des lacunes significatives dans les niveaux de connaissance actuels. Ce constat a illustré l'importance d'une caractérisation génétique approfondie, essentielle non seulement pour le développement de stratégies d'amélioration ciblées mais aussi pour la conservation des traits génétiques uniques des races porcines africaines (Groenen *et al.*, 2012).

Tableau II : Résultats selon les marqueurs utilisés

Etudes	Marqueurs/Techniques utilisées	Principaux résultats
African local pig genetic ressources (Pius <i>et al.</i> , 2024)	SNP, microsatellites	Diversité modérée à élevée ; hybridation avec suidés sauvage.
Diversité génétique du porc local du Togo (Somenutse <i>et al.</i> , 2021)	Microsatellites	Forte diversité intra et inter-populations.
Kenyan domestic pigs (Mujibi <i>et al.</i> , 2018)	SNP60/SNP80	Tolérance à la PPA ; introgression des races commerciales.
Nigerian indigenous pigs (Adeola <i>et al.</i> , 2017)	ADN mitochondrial, Chromosome Y, MC1R	Origines européenne et asiatique ; haplotypes spécifiques.
Large White vs Nigerian indigenous (Ndofor-Foleng <i>et al.</i> , 2015)	Electrophorèse SDS-PAGE	Similarité génétique modérée ; besoin urgent de conservation.
South african pig populations (Hlongwane <i>et al.</i> , 2024)	iHS, XP-EHH, hapFLK	Signatures de sélection distinctes selon les populations.
Measuring genetic diversity in pigs (Rothschild, 2003)	Microsatellites, SNP, mtDNA	Recommandations pour études approfondies ; diversité fonctionnelle peu étudiée.

III.Discussion

Les avancées technologiques récentes ont offert des outils puissants

pour l'évaluation et le suivi de la diversité génétique, en particulier via les marqueurs SNP et les puces à haute densité. Leur utilisation dans quelques études en Afrique, a permis d'affiner la caractérisation génétique des populations porcines et de mieux comprendre les flux de gènes entre les porcs locaux et les races exotiques. En parallèle, les études de caractérisation phénotypique se sont multipliées, combinant mesures morphométriques et caractères qualitatifs, conformément aux lignes directrices de la FAO sur la caractérisation phénotypique des ressources zoogénétiques (FAO, 2013). Ces directives recommandent la collecte conjointe de données morphologiques, démographiques, zootechniques et socio-économiques, ainsi qu'une standardisation des mesures et des protocoles afin de rendre les études comparables entre pays. Dans les cas du Burkina Faso et du Bénin, on retrouve cette logique intégrative, avec une attention portée aux systèmes d'élevage et aux pratiques de gestion du troupeau, même si la profondeur des données de production reste variable (Youssao Abdou Karim *et al.*, 2018; Tapsoba *et al.*, 2023)

Malgré ces progrès moléculaires, la caractérisation phénotypique demeure la première étape incontournable pour faire l'inventaire des ressources porcines locales dans nos pays. Les travaux réalisés en Tanzanie et au Burkina Faso ont montré une forte variabilité morphologique au sein des populations locales (Mbaga *et al.*, 2005; Tapsoba *et al.*, 2023). Des différences marquées ont été observées entre zones géographiques, un dimorphisme sexuel important et des signatures morphologiques suggérant à la fois une adaptation locale et une introgression historique de races européennes. Les analyses multivariées appliquées aux données morphométriques (ACP, classification hiérarchique, analyse discriminante linéaire) ont permis de structurer cette diversité en groupes phénotypiques, parfois corrélés aux systèmes de production ou aux zones d'origine (Tapsoba *et al.*, 2023). Dans ce contexte, la caractérisation phénotypique reste une approche accessible et peu coûteuse, pour cibler les populations d'intérêt afin d'optimiser les plans d'échantillonnage.

L'utilisation des marqueurs modernes, tels que les SNP, a considérablement accru la précision des études de diversité génétique et d'admixture. Les travaux menés au Kenya (Mujibi *et al.*, 2018) et en Afrique du Sud (Hlongwane *et al.*, 2024) ont montré que ces outils permettent de distinguer des populations locales relativement homogènes des populations fortement introgressées, tout en mettant en évidence des signatures de sélection associées à des caractères de

production et d'adaptation. Ces approches ont été complétées par des analyses de l'ADN mitochondrial et du chromosome Y, comme chez les porcs indigènes nigériens, pour retracer les origines génétiques et documenter des ascendances européennes et asiatiques (Adeola *et al.*, 2017). L'identification de traits adaptatifs, notamment la tolérance à la peste porcine africaine au Kenya, illustre le potentiel des approches génomiques pour relier directement diversité génétique et phénotypes d'intérêt sanitaire. Les résultats obtenus suggèrent que certaines populations locales possèdent des variantes favorables, qui pourraient être intégrées dans des programmes de sélection pour pallier aux risques sanitaires.

La couverture géographique est assez limitée avec peu d'études en Afrique centrale et australe (Pius *et al.*, 2024). Il faudrait noter également un faible niveau d'utilisation des technologies avancées comme le séquençage à haut débit pour une analyse complète (Rothschild, 2003). Le manque de données sur la diversité fonctionnelle liée aux traits économiques importants (résistance aux maladies) constitue également une limite importante (Pius *et al.*, 2024). Et enfin, l'absence de programmes structurés pour la conservation des races locales menacées par l'introgession commerciale reste toute aussi importante que les limites citées plus haut comme cela a été le cas au Nigéria (Ndofor-Foleng *et al.*, 2015).

Les méthodes moléculaires, bien que puissantes, sont restées sous-utilisées en Afrique en raison de leur complexité financière et technique. Une bonne stratégie consisterait à prioriser les marqueurs peu coûteux (*RAPD*) pour les études préliminaires (Chebbi *et al.*, 1995), réservant les technologies de pointe (*SNP*) aux caractères critiques comme la résistance aux maladies.

La grande variabilité génétique qui a été observée dans les races locales offre un potentiel significatif pour la sélection. La mise en place de programmes de sélection adaptés aux petits éleveurs représente une voie prometteuse pour augmenter la productivité, tout en préservant la diversité génétique locale. Le croisement avec les races exotiques constitue une autre stratégie d'amélioration, offrant un effet immédiat sur les performances (Agbokounou *et al.*, 2016). Toutefois, cette approche doit être rigoureusement contrôlée pour éviter une dilution génétique et la perte des caractéristiques d'adaptation des races locales. Les croisements seraient davantage adaptés aux systèmes d'élevage semi-intensifs ou intensifs plutôt qu'aux élevages traditionnels à

ressources limitées.

Conclusion

La diversité génétique des porcs africains constitue un patrimoine important, influencé par des influences européennes et asiatiques, mais aussi par des processus d'adaptation locale aux conditions d'élevage souvent difficiles. Les travaux basés à la fois sur la caractérisation phénotypique et sur les marqueurs moléculaires ont mis en évidence des niveaux de diversité généralement modérés à élevés. Ces résultats pourraient soutenir des programmes de sélection et de conservation des races porcines à l'échelle continentale. Cette diversité, documentée à travers des morphotypes variés et des signatures génomiques multiples, offre un potentiel considérable pour l'amélioration génétique. Cela pourrait se faire à partir de sélections ou de croisements contrôlés avec des races exotiques. Cependant, l'ampleur de l'introgression commerciale à travers le continent montre que les croisements, lorsqu'ils ne sont pas encadrés, peuvent conduire à une dilution rapide des ressources locales et à l'érosion de traits adaptatifs clés. Dans ce contexte, il apparaît indispensable de protéger les noyaux locaux en milieu villageois ; où la rusticité, la tolérance aux maladies et l'adaptation climatique constituent des atouts majeurs. La combinaison d'une caractérisation phénotypique rigoureuse, suivant les lignes directrices de la FAO, et des marqueurs génétiques ciblés (microsatellites, SNP) contribuerait à mieux identifier, suivre et conserver les lignées locales d'intérêt.

Malgré, ces avancées, plusieurs lacunes persistent avec notamment une couverture géographique incomplète, l'usage encore limité des technologies de séquençage à haut débit et le déficit de données sur la diversité fonctionnelle liée aux traits économiques majeurs. Les travaux récents montrent pourtant que les porcs locaux africains portent de nombreuses signatures de sélection associées à des caractères de résilience et de thermo-tolérance. En résumé, le développement de programmes de gestion communautaire des ressources génétiques porcines pourrait constituer une solution durable pour préserver la diversité tout en améliorant les moyens de subsistance des petits éleveurs. Ces initiatives permettraient sans doute de valoriser les races locales et d'impliquer directement les communautés dans leur conservation à l'échelle continentale.

Conflit d'intérêt

Tous les auteurs déclarent qu'il n'existe aucun conflit d'intérêt.

Contribution des auteurs

BAY a mené les recherches bibliographiques et discuté les résultats ; AC a apporté une contribution scientifique ; ASR a apporté une contribution scientifique et supervisé les travaux ; GFT, BB, AT ont corrigé et finalisé le manuscrit.

Références bibliographiques

- Abenga, J.N., Lawal, I.A., 2005. Implicating roles of animal reservoir hosts in the resurgence of Gambian trypanosomosis (Sleeping Sickness). *African Journal of Biotechnology* Vol. 4 (2), pp. 134-137.
- Adeola, A.C., Oluwole, O.O., Oladele, B.M., Olorungbounmi, T.O., Boladuro, B., Olaogun, S.C., Nneji, L.M., Sanke, O.J., Dawuda, P.M., Omitogun, O.G., Frantz, L., Murphy, R.W., Xie, H.-B., Peng, M.-S., Zhang, Y.-P., 2017a. Analysis of the genetic variation in mitochondrial DNA, Y-chromosome sequences, and MC1R sheds light on the ancestry of Nigerian indigenous pigs. *Genet Sel Evol* 49, 52. <https://doi.org/10.1186/s12711-017-0326-1>
- Agbokounou, A.M., Ahounou, G.S., Youssao, A.K.I., Mensah, G.A., Koutinhoun, B., Hornick, J.-L., 2016b. Ethnologie et potentialités du porc local d'Afrique. *Journal of Animal & Plant Sciences* 29, 4665–4677.
- Arthur, B.K., Richard, O.-A., Gregory, D., Arthur, W., Walter, T.W., Paul, B., 2018. Phenotypic characterization of pigs and their production system in Liberia. *Int. J. Livest. Prod.* 9, 175–183. <https://doi.org/10.5897/IJLP2018.0474>
- Ayizanga, R.A., (2016). Phenotypic characterisation and genetic diversity of the local pig of Ghana. Doctorate of Philosophy. Department of Animal Science, College of Agriculture and Natural Resources, Kwame Nkrumah University of Science and Technology, Kumasi, Ghana.
- Chebbi, H., Pascual-Villalobos, M.J., Cenis, J.L., Correal, E., 1995. Caractérisation morphologique et moléculaire des espèces ligneuses du genre *Medicago*. *Fourrages* 142, 191–206.
- Djimenou, D., Adoukonou-Sagbadja, H., Chrysostome, C., Koudande, O.D., 2018. Caractérisation phénotypique des porcs locaux (*Sus scrofa domestica*) au Sud du Bénin. *J. Anim. Plant Sci* 37, 5956–5975.
- D'Orgeval, R., 1997. Le développement de l'élevage porcin en Afrique

l'analyse des systemes d'élevage du porc local africain au sud-benin (These de doctorat). Institut national agronomique Paris-Grignon (1971-2006).

FAO, 2013. Caractérisation phénotypique des ressources génétiques animales. Directives FAO sur la production et la santé animales, FAO, 2013.

FAO, 2012. Secteur porcin Burkina Faso. FAO, 2012.

FAO, 2008. L'état des ressources zoogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde, édité par Barbara Rischkowsky et Dafydd Pilling. Commission des Ressources Génétiques pour l'Alimentation et l'Agriculture, Rome. copyright@fao.org.

FAO, 2001. Pigdrop - tout sur l'élevage porcin et les filières porcines des pays du Sud - Les populations porcines en Afrique de l'Ouest / Les porcs du Monde / Encyclopédie / Ressources [WWW Document]. URL [http://pigdrop.cirad.fr/fr/ressources/encyclopedie/les porcs du monde](http://pigdrop.cirad.fr/fr/ressources/encyclopedie/les_porcs_du_monde) les populations porcines en Afrique de l'Ouest (accessed 3.10.25).

FAOSTAT, 2019. L'élevage porcin dans les pays tropicaux [WWW Document]. URL <https://www.fao.org/faostat/fr/#data/QCL> (accessed 3.12.25).

Groenen, M.A.M., Archibald, A.L., Uenishi, H., Tuggle, C.K., Takeuchi, Y., Rothschild, M.F., Rogel-Gaillard, C., Park, C., Milan, D., Megens, H.-J., Li, S., Larkin, D.M., Kim, H., Frantz, L.A.F., Caccamo, M., Ahn, H., Aken, B.L., Anselmo, A., Anthon, C., Auvil, L., Badaoui, B., Beattie, C.W., Bendixen, C., Berman, D., Blecha, F., Blomberg, J., Bolund, L., Bosse, M., Botti, S., Bujie, Z., Bystrom, M., Capitanu, B., Carvalho-Silva, D., Chardon, P., Chen, C., Cheng, R., Choi, S.-H., Chow, W., Clark, R.C., Clee, C., Crooijmans, R.P.M.A., Dawson, H.D., 2012. Analyses of pig genomes provide insight into porcine demography and evolution. *Nature* 491, 393–398. <https://doi.org/10.1038/nature11622>

Halimani, T., Muchadeyi, F., Chimonyo, M., Dzama, K., 2012. Some insights into the phenotypic and genetic diversity of indigenous pigs in southern Africa. *SA J. An. Sci.* 42, 507–510. <https://doi.org/10.4314/sajas.v42i5.13>

Hlongwane, N.L., Dzomba, E.F., Hadebe, K., Van Der Nest, M.A., Pierneef, R., Muchadeyi, F.C., 2024. Identification of Signatures of Positive Selection That Have Shaped the Genomic Landscape of South African Pig Populations. *Animals* 14, 236. <https://doi.org/10.3390/ani14020236>

Hlongwane, N.L., Hadebe, K., Soma, P., Dzomba, E.F., Muchadeyi, F.C., 2020. Genome Wide Assessment of Genetic Variation and

Population Distinctiveness of the Pig Family in South Africa. *Front. Genet.* 11, 344. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00344>

Houaga, I., Mrode, R., Opoola, O., Chagunda, M.G.G., Mwai, O.A., Rege, J.E.O., Olori, V.E., Nash, O., Banga, C.B., Okeno, T.O., Djikeng, A., 2023. Livestock phenomics and genetic evaluation approaches in Africa: current state and future perspectives. *Front. Genet.* 14, 1115973. <https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1115973>

Kiendrebeogo, T., Logtene, Y., Kondombo, S., Kabore-Zoungrana, C., 2012a. Characterization and importance of pig breeds in the pork industry of the zone of Bobo-Dioulasso (Burkina Faso, West Africa). *Int. J. Bio. Chem. Sci.* 6, 1535–1547. <https://doi.org/10.4314/ijbcs.v6i4.13>

Logtene, Y.M., Koussou, M.O., Nguertoum, E.A., Tama, A.C.N., Lakoutene, T., Awa, D.N., Mal, H.E.M., 2009. Caractéristiques et performances des élevages porcins urbains et périurbains des savanes d’Afrique centrale : cas des villes de Garoua, Pala et Bangui. Presented at the Savanes africaines en développement : innover pour durer, Cirad, p. 9

Mbaga, S.H., Lymo, C.M., Kifaro, G.C., Lekule, F.P., 2005. Phenotypic characterization and production performance of local pigs under village settings in the Southern Highland zone, Tanzania. *Anim. Genet. Resour. Inf.* 37, 83–90. <https://doi.org/10.1017/S1014233900001991>

Mujibi, F.D., Okoth, E., Cheruiyot, E.K., Onzere, C., Bishop, R.P., Fèvre, E.M., Thomas, L., Masembe, C., Plastow, G., Rothschild, M., 2018. Genetic diversity, breed composition and admixture of Kenyan domestic pigs. *PLOS ONE* 13, e0190080. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0190080>

Muys, D., Westenbrink, G., Meinderts, J., 2003. L’élevage des porcs dans les zones tropicales Agrodol. Fondation Agromisa, Wageningen, Pays Bas.

Ndofor-Foleng, H., Iloghalu, O., Onodugo, M., Ezekwe, A., 2015. Genetic diversity between large white and nigerian indigenous breed of swine using polyacrylamide gel electrophoresis (PAGE). *Agro-Sci.* 13, 30. <https://doi.org/10.4314/as.v13i3.5>

Ollivier, L., Chevalet, C., Foulley, J.L., 2000a. Utilisation des marqueurs pour la caractérisation des ressources génétiques. *INRA Prod. Anim.* 13, 247–252. <https://doi.org/10.20870/productions-animales.2000.13.HS.3847>

Penrith, M.L., Thomson, G.R., Bastos, A.D.S., Phiri, O.C., Lubisi, B.A., Du Plessis, E.C., Macome, F., Pinto, F., Botha, B., Esterhuysen,

- J.J., 2004. An investigation into natural resistance to African swine fever in domestic pigs from an endemic area in southern Africa: -EN- -FR- -ES-. Rev. Sci. Tech. OIE 23, 965–977. <https://doi.org/10.20506/rst.23.3.1533>
- Pius, L., Huang, S., Wanjala, G., Bagi, Z., Kusza, S., 2024. African Local Pig Genetic Resources in the Context of Climate Change Adaptation. Animals 14, 2407. <https://doi.org/10.3390/ani14162407>
- Porphyre, V., 2009. Enjeux et contraintes des filières porcines en Afrique de l'Ouest.
- Porphyre, V., Bastianelli, D., 2019. Editorial - L'élevage porcin dans les pays tropicaux. Rev. Elev. Med. Vet. Pays Trop. 71, 3–5. <https://doi.org/10.19182/remvt.31682>
- Rothschild, M.F., 2003. Approaches and challenges in measuring genetic diversity in pigs. Archivos de zootecnia 52, 129–135.
- Somenutse, K.G., Aziadekey, M.K., Dayo, G.K., Kulo, A.E., 2021. Diversité génétique du porc local du Togo : cas de la région maritime et de la région des Savanes, in: 53es Journées de La Recherche Porcine. Ifip, pp. 53–54.
- Swart, H., Kotze, A., Olivier, P., Grobler, J., 2010. Microsatellite-based characterization of Southern African domestic pigs (*Sus scrofa domestica*). SA J. An. Sci. 40. <https://doi.org/10.4314/sajas.v40i2.57280>
- Tapsoba, A.S.R., Akounda, B., Fabiola, G., Sawadogo, S.E., Yougbare, B., Pinde, S., Sanou, M., Tamboura, H.H., Bayala, B., Traore, A., 2023. Morphological characterization of Burkina Faso local pig 42.
- Traoré, A., Tapsoba, A.S.R., 2018. PROJET GENETIQUE UA-BIRA Documentation des études de caractérisation, inventaire et surveillance des tendances et des risques associés aux ressources zoogénétiques animales en Afrique de l'Ouest (Rapport intérimaire provisoire). UA-BIRA, Burkina Faso.
- Youssao Abdou Karim, I., Dotche, I.O., Seibou Toleba, S., Kassa, K.S., Ahounou, S.G., Salifou, C., Dahouda, M., Antoine-Moussiaux, N., Dehoux, J.-P., Mensah, G.A., 2018. Caractérisation phénotypique des ressources génétiques porcines des départements de l'Ouémé et du Plateau au Bénin. Rev. Elev. Med. Vet. Pays Trop. 71, 59–65. <https://doi.org/10.19182/remvt.31219>