

Genetic relationships between Iberian wild boar populations and domestic Portuguese pig breeds determined by mitochondrial DNA polymorphism

Pinheiro I., Gortázar C., Alves P.C.

in

Audiot A. (ed.), Casabianca F. (ed.), Monin G. (ed.).
5. International Symposium on the Mediterranean Pig

Zaragoza : CIHEAM

Options Méditerranéennes : Série A. Séminaires Méditerranéens; n. 76

2007

pages 69

Article available on line / Article disponible en ligne à l'adresse :

<http://om.ciheam.org/article.php?IDPDF=800562>

To cite this article / Pour citer cet article

Pinheiro I., Gortázar C., Alves P.C. **Genetic relationships between Iberian wild boar populations and domestic Portuguese pig breeds determined by mitochondrial DNA polymorphism.** In : Audiot A. (ed.), Casabianca F. (ed.), Monin G. (ed.). 5. *International Symposium on the Mediterranean Pig* . Zaragoza : CIHEAM, 2007. p. 69 (Options Méditerranéennes : Série A. Séminaires Méditerranéens; n. 76)



<http://www.ciheam.org/>
<http://om.ciheam.org/>

Genetic relationships between Iberian wild boar populations and domestic Portuguese pig breeds determined by mitochondrial DNA polymorphism

I. Pinheiro^{*,**}, C. Gortázar^{***} and P.C. Alves^{*,**}

^{*}CIBIO – Centro de Investigação em Biodiversidade e Recursos Genéticos,
Campus Agrário de Vairão, 4485-661, Vairão, Portugal

^{**}Dep. de Zoologia e Antropologia, Faculdade de Ciências do Porto, 4099-002, Porto, Portugal

^{***}IREC- Instituto de Investigación en Recursos Cinegéticos (CSIC/UCLM/JCCLM),
Ronda de Toledo, s/n, 13005, Ciudad Real, Spain

SUMMARY – Crossbreeding between domestic pigs and wild boars is common and represents a threat to the genetic identity of wild populations of *Sus scrofa*, as well as an important economic loss to intensive farming. Therefore, it is imperative to study the genetic diversity of wild boar populations in the Iberian Peninsula, and to evaluate the level of hybridization between the wild and domestic forms. In this work, phylogenetic relationships between several Iberian wild boar populations and domestic pigs, with special emphasis on the Portuguese breeds Bísaro and Alentejano, were assessed using a 717 bp fragment of the mitochondrial DNA control region. So far, in a total of 137 sequences obtained, 20 haplotypes were identified. The nucleotide variation between these haplotypes includes 19 single nucleotide polymorphisms, comprising 18 substitutions (17 transitions and one transversion) and one nucleotide indel. In this preliminary study, it is possible to recognize that various haplotypes are exclusive to wild or domestic pigs and some are shared by them. These shared haplotypes, found not only in wild and domestic forms, but also in several domestic European breeds, seem to be an evidence of crossbreeding. Currently, further analyses are being done in order to accurately characterize the phylogeographic patterns of the Iberian wild boars and the putative hybridization phenomenon.

RESUME – "Relation génétiques entre populations de sangliers sauvages Ibériques et races porcines domestiques portugaises déterminées para polymorphisme de l'ADN mitochondrial". Le croisement entre porcins domestiques et sangliers sauvages est chose commune et représente une menace pour l'identité génétique des populations sauvages de *Sus scrofa*, ainsi qu'une importante perte économique pour l'élevage intensif. Par conséquent, il est impératif d'étudier la diversité génétique des populations de sangliers sauvages dans la Péninsule Ibérique, et d'évaluer le niveau d'hybridation entre les formes sauvages et domestiques. Dans cette étude, les relations phylogénétiques entre plusieurs populations sauvages de sanglier Ibérique et les porcs domestiques, en particulier les races portugaises Bísaro et Alentejano, ont été évaluées à l'aide du fragment 717 bp de la région de contrôle de l'ADN mitochondrial. Jusqu'à présent, sur un total de 137 séquences obtenues, on a identifié 20 haplotypes. La variation nucléotidique entre ces haplotypes comprend 19 SNP, dont 18 substitutions (17 transitions et une transversion) et un nucléotide indel. Dans cette étude préliminaire, il est possible de reconnaître que plusieurs haplotypes sont exclusifs des porcs sauvages ou domestiques, et que d'autres appartiennent aux deux types. Ces haplotypes partagés, détectés non seulement chez les types sauvages et domestiques, mais aussi chez plusieurs races domestiques européennes, semblent prouver le croisement. Actuellement d'autres analyses sont en cours pour caractériser plus exactement le profil phylogéographique des sangliers sauvages Ibériques et du phénomène présumé d'hybridation.
