13927

Quels sont les outils de caractérisation aujourd'hui disponibles pour les équidés ?

D'après l'exposé de **S. DANVY**, IFCE

La caractérisation objective des équidés devient une nécessité car les éleveurs et les acheteurs potentiels ont besoin de choisir, de raisonner ou de promouvoir en toute transparence. Des outils sont d'ores et déjà disponibles pour cela !

Qu'est ce que la caractérisation et à quoi ça sert ?

Caractériser, signifie décrire dans le but de comparer les individus objectivement grâce à des informations qui doivent pouvoir être mesurées facilement, de façon homogène et répétable. Ces informations peuvent être :

- phénotypiques : informations sur l'animal lui-même (morphologie, couleur, taille...), qui permettent une comparaison entre individus, mais ne donnent pas d'information sur le potentiel héréditaire de l'individu.
- génétiques : les indices génétiques obtenus grâce aux critères phénotypiques et aux relations généalogiques entre individus, aux génotypes pour certains gènes d'intérêt et aux informations de gestion de la diversité génétique sont fondamentales pour la gestion des reproducteurs.

Des outils au service de la performance

Indices de performance et indice génétique

Des indices de caractérisation de la performance sportive et en course existent depuis plus de 20 ans et les principales disciplines en possèdent. Tous ne donnent cependant pas lieu à un indice génétique. Les indices de performance permettent de faire la synthèse des résultats de l'animal et de situer son niveau par rapport à ses congénères sortis en compétition ou en course sur la même période, après correction de certains effets environnementaux connus (âge, sexe...).

Les indices génétiques, par contre, prennent en compte les performances du cheval lui-même et de ses apparentés. C'est l'outil le plus performant pour raisonner les accouplements dans le but d'améliorer les performances. Cependant, sa précision n'est jamais de 100 %. Il faut donc regarder à la fois la valeur de l'indice et celle du coefficient de détermination (CD). Plus le CD est élevé, plus on peut considérer l'indice génétique comme une estimation fiable de la valeur du cheval. Cette précision est d'autant plus élevée que le nombre d'informations ayant servi au calcul de l'indice est important.

Classification génétique et valeurs de pari

En combinant l'indice génétique et son CD, il est possible de calculer la valeur au-dessus de laquelle on a 97,5 % de chance de trouver la vraie valeur génétique de l'individu (borne basse). Cette valeur est utilisée pour réaliser une classification génétique (tableau 1) des reproducteurs. Cette classification a cependant tendance à favoriser les reproducteurs âgés, ce qui n'optimise pas les schémas d'amélioration génétique de la race.

Les valeurs de pari permettent de chiffrer le pourcentage de chance de se situer dans les 2 % meilleurs de sa race. Contrairement à la classification, cette méthode privilégie les jeunes animaux prometteurs, même si leur index s'accompagne d'un CD plus faible.

Caractérisation du modèle et des allures

Une caractérisation systématique des animaux présentés en concours d'élevage peut permettre de déterminer l'héritabilité des critères et de calculer des indices génétiques prenant en compte ces informations.

Jugement ou pointage ?

La caractérisation du modèle et des allures peut se faire par :

- Les notes de *jugement* : vont de 1 (mauvais) à 9 (excellent). Pour les caractères héritables, les indices génétiques issus de ces notes sont publiés sous forme graphique et sont exprimés en écart à la moyenne des chevaux pointés. Une note positive sur ce graphique correspond à une « bonne » note.
- Les notes de pointage : sont plus objectives car elles décrivent sans porter de jugement de valeur ; elles vont également de 1 à 9 mais l'optimum varie selon les critères (ex. 5 pour les

Classification génétique	pour une borne basse
Elite	> 15
Très bon	de 7,5 à 15
Améliorateur	de 0 à 7,5
Acceptable	de -7,5 à 0
Médiocre	de -15 à -7,5
Déconseillé	< -15

Tableau 1 / Classification génétique attribuée selon la valeur de la borne basse de l'étalon.

13927

aplombs) et ne correspond pas toujours au maximum. Ces indices sont également publiés sous forme graphique et exprimés en écart à la moyenne des chevaux pointés, mais les optimums sont également représentés afin de pouvoir situer le cheval (figure 1).

Cette caractérisation permet de raisonner les accouplements en choisissant l'étalon le plus adapté compte tenu des qualités et défauts de sa jument.

Gènes d'intérêt

Un certain nombre de gènes d'intérêt ont été identifiés, et certains disposent de tests génétiques. Quelques crins, ou un peu de sang, suffisent pour génotyper l'animal et il devient possible de prévoir quels gènes un reproducteur possède et est donc susceptible de transmettre. Des tests sont actuellement valables pour certaines anomalies (immunodéficience sévère combinée = SCID, Epidermolyse bulleuse jonctionnelle...) ainsi que pour certains gènes de coloration, même si les interactions entre gènes sont encore mal connues.

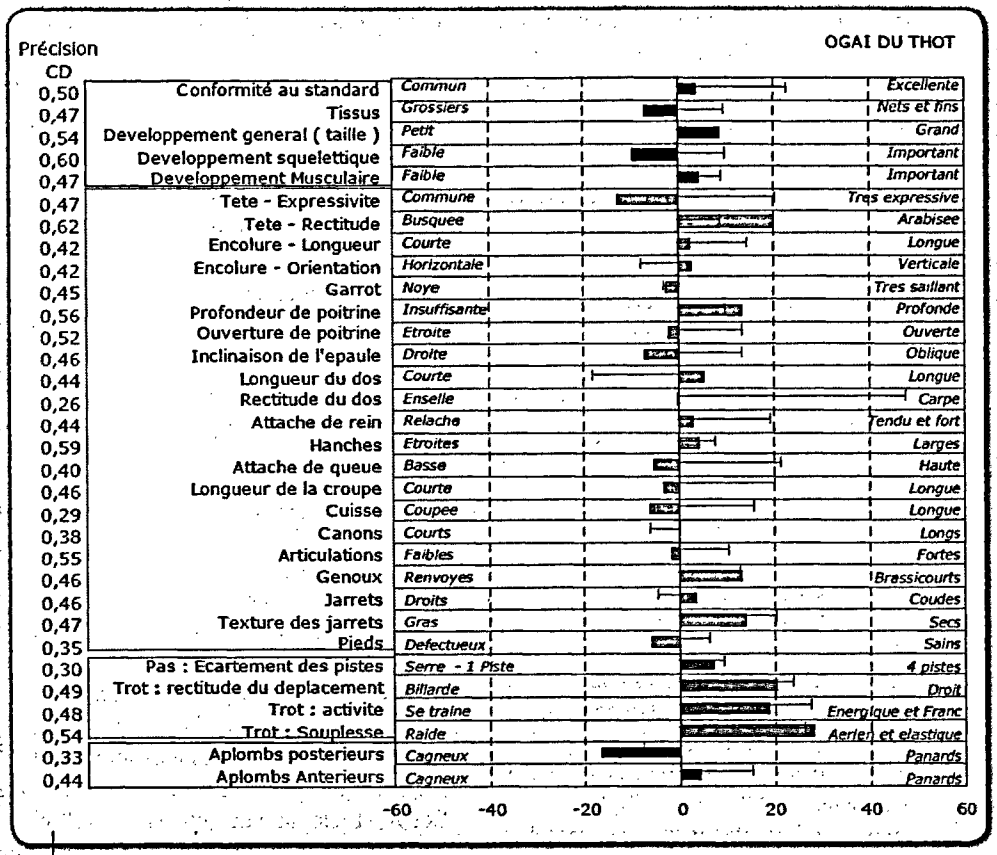

Figure 1 / Exemple d'indices génétiques sur le modèle et les allures publiés pour un étalon cob normand à partir de notes de pointage. Les traits verts représentent l'optimum recherché dans la race.

Gérer la diversité génétique

La gestion de la diversité génétique est indispensable à la survie des espèces. Elle peut se mesurer de différentes façons.

Le coefficient de consanguinité

La consanguinité est le résultat de l'accouplement de reproducteurs apparentés. Elle peut avoir des conséquences favorables, lorsqu'elle permet l'expression de gènes « intéressants » issus d'un ou plusieurs ancêtres, mais également des conséquences défavorables, lorsqu'elle entraîne l'accumulation de gènes indésirables et leur expression.

Pour gérer la consanguinité, il faut connaître la généalogie des animaux sur plusieurs générations. Le calcul du coefficient de consanguinité donne la probabilité qu'un individu reçoive des gènes identiques provenant d'un même ancêtre commun à ses deux parents. Si le cheval possède au moins 5 générations connues, le coefficient calculé est un bon indicateur de sa consanguinité, même s'il est vraisemblablement sous-estimé. Un coefficient de consanguinité qui dépasse 0,06 (6 %) peut devenir gênant, ce qui ne veut pas dire que l'individu sera "mauvais" mais, à l'échelle de la population, son utilisation présente des risques, surtout si de tels niveaux concernent l'ensemble des reproducteurs utilisés.

Il est par contre possible d'utiliser un reproducteur consanguin car ce n'est pas transmissible ! L'important est que ce reproducteur consanguin soit accouplé à un individu avec lequel il n'a aucun lien de parenté (ou le moins possible).

Un outil de prévision de la consanguinité est à l'étude, afin d'aider les éleveurs à limiter la consanguinité de leurs produits en simulant des accouplements fictifs.

Les ancêtres majeurs

Ce sont les chevaux qui ont été largement utilisés et qui sont ainsi responsables d'une proportion élevée de gènes dans la population actuelle. Une utilisation trop importante de certains ancêtres majeurs entraîne une augmentation de la consanguinité moyenne de la race. Il est possible de calculer les contributions des principaux ancêtres majeurs d'une race, représentées par le pourcentage de gènes totaux dont chacun est responsable. Ce calcul peut être fait pour une race ou pour un individu donné. Dans ce dernier cas, cela permet de voir si l'individu est "original" par rapport à sa race, ou au contraire s'il possède un pourcentage non négligeable des principaux ancêtres majeurs identifiés.

La composition raciale

Elle permet de déterminer la contribution de chaque race pour un individu donné. ● ● ●

Pour cela, il faut remonter la généalogie jusqu'aux ancêtres fondateurs (ceux dont on ne connaît pas les parents). Cet outil permet de suivre les éventuelles évolutions de la composition raciale des individus appartenant à des studbooks très ouverts et peut permettre d'éviter certaines dérives lors de l'utilisation importante de croisement avec des races étrangères par exemple.

Même si certains outils n'ont pas encore été développés dans toutes les races, cette caractérisation sur de nombreux critères (performance, morphologie, allures, consanguinité ou encore génotypage de gènes d'intérêt) permet aux éleveurs de faire le choix de l'étalon correspondant le mieux à leurs juments et à leurs objectifs, tout en évitant les reproducteurs de parenté trop proche. Un bémol toutefois, en ce qui concerne les races locales à plus faible effectif car le nombre de reproducteurs et leur disponibilité géographique ne permet pas réellement de raisonner les accouplements pour assurer une diversité génétique.

Enfin, la caractérisation du tempérament n'a pas été abordée ici, mais est déjà publiée dans les catalogues étalons « loisir » des étalons diffusés par le GIP France Haras, apportant une information phénotypique complémentaire sur les reproducteurs. De nouvelles caractérisations pourraient encore s'y ajouter !

Lexique :

ADN : Acide désoxyribonucléique : enchaînement de nucléotides (adénine, thymine, cytosine, guanine) dans une structure double brin en hélice, support de l'information génétique

Allèles : différentes formes pouvant être prises par un gène donné

Apparentés : représentent l'ensemble des ascendants (parents, grands-parents...), descendants et collatéraux (frères, sœurs) d'un individu donné

ARNm : Acide ribonucléique : enchaînement de nucléotides (adénine, uracile, cytosine, guanine), simple brin, obtenu par transcription de l'ARN

Biomarqueur : molécule biologique présente dans le sang ou les liquides corporels liée à un processus normal ou non

Caractère dominant : la présence d'un seul allèle d'un gène est suffisant pour exprimer le caractère

Caractère monogénique : caractère dont l'expression est gouverné par un seul gène, par exemple le gène gris et certaines pathologies (Epidermolyse bulleuse jonctionnelle)

Caractère récessif : deux allèles identiques d'un même gène sont nécessaires pour exprimer le caractère

Cellule diploïde (opposé à haploïde) : cellule comprenant deux paires (2N) de chromosomes homologues, l'un d'origine paternelle, l'autre d'origine maternelle (cas de toutes les cellules des mammifères sauf les gamètes)

Cellule haploïde : cellule comprenant une seule paire de chromosome (N)

Chromosomes : éléments microscopiques contenus dans le noyau des cellules et portants les gènes

Chromosomes homologues : chromosomes qui ont la même forme, la même taille et portent les mêmes gènes (pas forcément les mêmes allèles de ces gènes)

Codon : triplet de nucléotides de l'ARNm codant pour un acide aminé particulier

Gamètes : cellules sexuelles contenant chromosomes, spermatozoïdes pour les mâles et ovules pour les femelles

Gène : unité héréditaire codant des caractères transmissibles à la descendance

Génome : ensemble des gènes d'un organisme

Génomique : discipline de la biologie qui étudie la structure, le fonctionnement et l'évolution des génomes par des approches systématiques et à haut débit

Génotype : ensemble des allèles présents dans un organisme

Hétérozygote ; se dit pour un gène représenté, chez un individu donné, par deux allèles différents

Héritable : se dit d'un caractère transmissible à la descendance

Homozygote : se dit pour un gène représenté, chez un individu donné, par deux allèles similaires

Locus (pl. Loci) : emplacement physique précis d'une séquence d'ADN (gène, QTL...) sur un chromosome

Méiose : division cellulaire particulière permettant un passage de l'état diploïde à l'état haploïde

Mutation : modification de la molécule d'ADN

Nucléotide : composant élémentaire de l'ADN et de l'ARN comportant entre autre une base azotée variable : adénine, thymine, cytosine, guanine, uracile

Phénotype : ensemble des caractères de l'organisme (visibles ou mesurables)

Polymorphe : qui peut prendre des formes diverses

Protéome : ensemble des protéines synthétisées dans une cellule (ou un groupe de cellules), variable en fonction de paramètres extérieurs (activité physique, maladie...)

Protéomique : étude de l'ensemble des protéines d'un tissu

QTL (quantitative trait loci) : locus expliquant chacun une part de la variance phénotypique observée pour un caractère donné

Recombinaison génétique : échanges réciproques de fragments pouvant se produire entre deux chromosomes homologues

Séquençage : lecture nucléotide par nucléotide de la molécule d'ADN ou d'ARN

SNP (single nucleotide polymorphism) : polymorphisme de l'ADN concernant une seule paire de bases et utilisé comme marqueur génétique dans la cartographie des génomes

Traduction : création d'une chaîne d'acide aminé à partir de l'ARN messager, deuxième étape de la synthèse des protéines après la transcription

Transcription : synthèse d'une molécule d'ARN à partir d'une molécule d'ADN, première étape de la synthèse des protéines avant la traduction

Transcriptome : ensemble des ARNm synthétisés dans une cellule (ou un groupe de cellules), variable en fonction de paramètres extérieurs (activité physique, maladie...).

Dossier réalisé par **Marion CRESSENT**, IFCE