

Relations génétiques entre les races de chevaux de sport et de course : comparaison des données biochimiques avec les données historiques et généalogiques

X. Rognon¹, A. Ricard², J.C. Mériaux³

¹Département des sciences animales, INA-PG, Paris, France

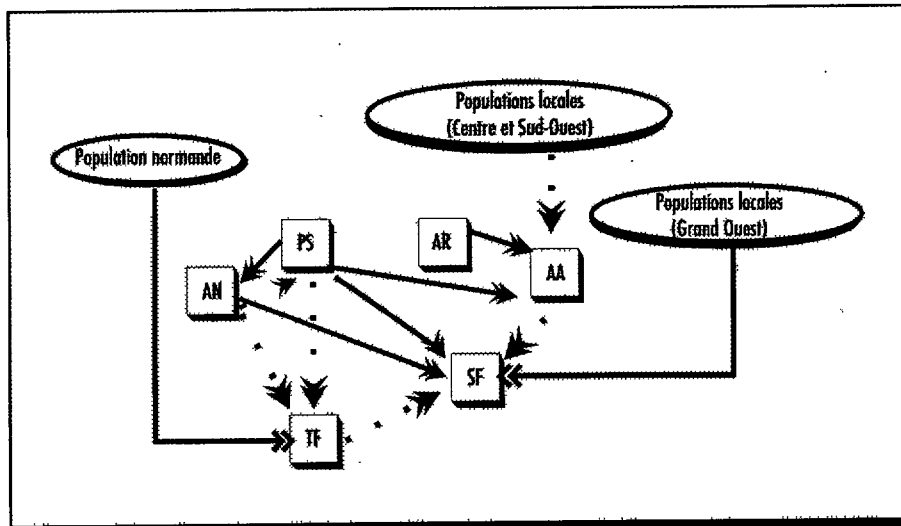
²Station de génétique quantitative et appliquée, INRA, Jouy en Josas, France

³LABOGENA, Jouy en Josas, France

Historique et objectifs

L'élevage du cheval de sport et celui du cheval de course ont connu un fort développement en France depuis une trentaine d'années. Cinq races de chevaux de sang reconnues (Baudoin, 1991), sélectionnées pour des objectifs différents, sont à la base de cette activité et sont brièvement présentées dans l'encadré 1. Deux d'entre elles, le Pur-sang et l'Arabe, sont des races internationales gérées en race pure, avec de nombreux échanges ; des conférences régulières harmonisent la gestion des différents stud-books (fermés) reconnus. Les trois autres races, le Trotteur français, le Selle français et l'Anglo-arabe sont plus spécifiquement nationales. Le Trotteur français est géré seulement au niveau français et son stud-book est fermé. Toutefois, de 1977 à 1993, quelques étalons étrangers, principalement Standardbred américain, ont été agréés pour la reproduction avec un nombre limité de juments Trotteur français de haut niveau. Les deux autres, le Selle français et l'Anglo-arabe, sont des races composites qui ont fait fortement appel à des reproducteurs Pur-sang pour la première, Pur-sang et Arabe pour la seconde. L'ensemble de ces relations, plus ou moins complexes, est schématisé sur la figure 1 qui illustre

Figure 1 : Représentation schématisée de l'ensemble des courants d'échanges de reproducteurs entre les races françaises de chevaux de course et de sport



○ Populations aujourd'hui disparues

□ Populations actuelles

• • ➤ Flux faible

P.S. : Pur-sang ; AR : Arabe ; AA : Anglo-arabe ; SF : Selle français ; TF : Trotteur français ; AN : Anglo-normand

➤ Flux important

les courants de reproducteurs qui ont existé ou qui existent encore entre les races élevées en France. Ceci met clairement en évidence de fortes relations entre elles, comme par exemple entre le Pur-sang, le Selle français et l'Anglo-arabe.

Dans ce contexte, il apparaît utile de pouvoir dresser un profil génétique de chacune de ces races, à l'aide des marqueurs biochimiques. En l'absence de standard, la description morphologique fondée sur la couleur de la robe, le gabarit, les marques ..., s'avère parfois

Encadré 1

Les cinq principales races françaises de course et de sport

☞ Le Pur-sang

Originnaire de Grande Bretagne, cette race a été créée, au début du XVIIIème siècle, à partir de quelques étalons orientaux et d'une jumenterie locale (100 juments inscrites au General stud-book à sa création en 1791 et formant les *Royal Mares*). Trois étalons sont réputés être chacun à l'origine d'une lignée, et l'on retrouve leurs gènes dans 27% des Pur-sang actuels (Cunningham, 1991). Ce cheval a été importé en France au XIXème siècle et le stud-book français (depuis la fin du XIXème siècle) regroupe tous les animaux nés en France et issus uniquement de parents Pur-sang. Le Pur-sang est exclusivement destiné aux courses de galop (plat ou obstacles). Par ailleurs, il a souvent été fortement impliqué dans la création et l'amélioration d'autres races de chevaux.

☞ L'Arabe

Présent en petit nombre depuis le Moyen-Age, le cheval Arabe a vu son développement en France se réaliser surtout au cours du siècle dernier. La politique napoléonienne d'utilisation de l'Arabe comme mâle améliorateur conduisit par la suite à la tentative de création d'un Pur-sang français qui donnera naissance à l'Anglo-arabe. L'Arabe est ensuite élevé en étroite relation avec l'Anglo-arabe. Son influence se fait plus ou moins sentir dans un grand nombre de races (de chevaux de sang et de chevaux lourds).

☞ Le Selle français

Cette race, anciennement appelée Demi-sang, est le résultat de croisement entre des étalons Pur-sang et une jumenterie principalement d'origine Normande, même si sept autres races aujourd'hui disparues ont participé à sa création (Dufosset, 1984). Créé en 1965, son stud-book a longtemps été ouvert et l'inscription pouvait se faire aux titres de l'ascendance, du croisement (avec les quatre autres races présentées ici) et à titre initial (pour des chevaux de selle, en fonction de leurs performances et de celles de leurs produits). Depuis 1994, seuls les animaux ayant au moins un de leur parents inscrit peuvent y accéder. Deuxième race française en effectif, après le Trotteur Français, c'est le plus important cheval de sport et il est élevé essentiellement pour les concours de saut d'obstacles et les concours complets d'équitation.

☞ L'Anglo-arabe

Cette race a été créée dans le Sud-Ouest au cours du XIXème siècle. Elle est issue de croisements entre des chevaux Pur-sang et Arabes et avec une jumenterie locale ayant une forte part de sang Arabe. Son stud-book est ouvert et les inscriptions peuvent s'y faire aux titres de l'ascendance et du croisement (entre Pur-sang, Arabe et Anglo-arabe). C'est un cheval de compétition très apprécié en saut d'obstacle, en concours complets et en dressage.

☞ Le Trotteur français

Le berceau de cette race est la Normandie, où il a été sélectionné (depuis le milieu du XIXème siècle) à partir de chevaux normands et améliorés par croisements notamment avec des étalons Norfolk, des Pur-sang ou des Trotteurs américains (= Standardbred). Cette race est gérée au niveau national avec un stud-book fermé, mais entre 1977 et 1993, quelques étalons Standardbred ont été utilisés. Ce cheval est essentiellement utilisé dans le cadre de courses de trot, attelé ou monté.

Pour en savoir plus : Baudoin N., 1991, les races de chevaux et de poneys en France. CEREOPA, 16 rue Claude Bernard, 75231 Paris cedex 05, 126 p.

subjective et peu discriminante pour lever un doute sur l'appartenance raciale d'un cheval. L'utilisation des marqueurs sanguins (protéines et groupes sanguins - cf encadré 2) apporte un complément d'information indispen-

sable à l'identification (Mériaux, 1994 ; Boscher et Mériaux, 1994). En France, une réglementation mise en place par le Service des haras, des courses et de l'équitation officialise depuis 1976 l'utilisation de ces marqueurs à des fins

d'identification et de contrôle des origines, LABOGENA (Laboratoire d'analyses génétiques pour les espèces animales, Jouy-en-Josas) étant le seul laboratoire français agréé pour réaliser ces analyses.

Encadré 2

Les techniques d'analyse des marqueurs sanguins

Les groupes sanguins (systèmes érythrocytaires)

Production d'anticorps, purification

Hormis les anticorps présents spontanément dans le sérum des individus (exemple du système ABO de l'homme, le système J du bovin, le système R du mouton), les autres anticorps ne sont présents dans le sang qu'à des titres très faibles.

☞ Immunisation

Pour être utilisés au laboratoire, ils doivent être obtenus après immunisation d'un animal « receveur » par un animal « donneur », en général à l'intérieur de l'espèce, on parle alors d'alloimmunisation. Le choix de la combinaison donneur-receveur est effectué de manière à obtenir l'anticorps recherché. Cependant, compte tenu de la variété de molécules présentes dans le sang et leur fort degré de polymorphisme, on obtient en fait un mélange d'anticorps.

L'étape préliminaire à l'utilisation des réactifs est donc d'identifier la spécificité des anticorps obtenus et de purifier celle désirée.

☞ Identification

L'étape d'identification est effectuée par adsorption et test sur un échantillonnage de globules rouges choisis parmi un troupeau de référence dont les hémotypes sont parfaitement connus.

☞ Purification

Elle est ensuite simplement obtenue par adsorption sélective sur des globules rouges porteurs des spécificités antigéniques indésirables. La limite de pureté d'un réactif est, bien entendu, largement dépendante du degré de connaissance du polymorphisme des groupes sanguins, en général, et du typage du troupeau de référence, en particulier.

☞ L'hémolyse, l'agglutination

La réaction d'immunisation contre les molécules de groupes sanguins produit, selon l'espèce, deux grands types d'anticorps : les anticorps agglutinants et les anticorps hémolysants. Le tableau 2 montre les systèmes d'antigènes érythrocytaires équins étudiés en France.

☞ Les anticorps agglutinants

Ces anticorps, le plus souvent Ig M, forment des ponts entre les hématies qui présentent alors un aspect d'agrégats. Ils représentent la majorité des anticorps « naturels » des groupes sanguins ABO de l'homme (Cartron, 1993).

☞ Les anticorps hémolysants

Après s'être liés à leur antigène, ils permettent la fixation du complément qui peut alors jouer son rôle de lyse des érythrocytes (Roitt *et al.*, 1989). La réaction en tube est facile à visualiser, la suspension globulaire devenant opalescente après la libération de l'hémoglobine. Une réaction négative, dans laquelle l'anticorps n'a pas reconnu son antigène, est matérialisée après repos par un culot de globules rouges au fond du tube.

Les protéines sanguines

☞ Les électrophorèses de protéines

Le plasma sanguin et les hématies contiennent un nombre élevé de protéines ayant des fonctions diverses, en particulier de transport (transferrine), de maintien de la pression osmotique (albumine) ou encore enzymatiques comme les enzymes érythrocytaires intervenant dans le métabolisme du glucose.

L'exploitation de l'électrophorèse en gel d'amidon a permis la mise en évidence du polymorphisme de certaines de ces protéines (Smithies, 1955 ; Gahne, 1966).

D'autres progrès ont été accomplis grâce à des améliorations techniques décrites chez le cheval : gel de polyacrylamide (Gahne *et al.*, 1977), isoélectrofocalisation (Fischer et Scott, 1978) et électrophorèse bidimensionnelle (Juneja *et al.*, 1984). Une revue bibliographique cite 20 protéines équines étudiées (Ouragh, 1987). Le tableau 3 montre les protéines équines étudiées en France.

☞ Principe de l'électrophorèse

L'électrophorèse permet de séparer les formes multiples des protéines en fonction essentiellement de leur charge électrique, de leur masse moléculaire et de leur conformation spatiale.

Après migration, une révélation aspécifique (protéines non enzymatiques) ou spécifique (enzyme) met en évidence les bandes de migration. Cette révélation se double d'une fixation visant à restreindre la diffusion des protéines dans le gel et à fournir ainsi une image plus nette. Les techniques utilisées diffèrent par la composition du gel support de la migration, le pH des solutions tampons ou les conditions électriques de migration.

Enfin, les caractères morphologiques, soumis à l'action de la sélection (naturelle ou par l'homme) et pouvant être influencés par les effets du milieu, ne sont pas toujours très appropriés dans le cadre de l'étude des relations génétiques et de la structuration génétique des espèces. Aussi, la pratique des typages sanguins ainsi réalisée, fournit-elle un très grand

nombre de données qui peuvent être directement appliquées en génétique des populations, que ce soit dans le cadre d'études de caractérisation génétique, de l'analyse de la variabilité génétique ou des relations génétiques (Lubas *et al.*, 1984 ; Bowling et Clark, 1985 ; Guérin, 1986 ; Bowling, 1994 ; Ouragh *et al.*, 1994 ; Moureaux *et al.*, 1996).

Dans ce document, nous allons présenter et discuter l'utilisation des marqueurs sanguins dans l'analyse des relations génétiques entre différentes races françaises, marocaines et américaines, de chevaux de course et de sport. L'ensemble de ces résultats sera confronté aux données généalogiques et à l'histoire des gènes présents dans les différentes races.

Populations étudiées et méthodes d'analyse

Douze populations de chevaux de course ou de sport ont été analysées. Ces populations comprenaient les 5 principales races françaises (Pur-sang, Arabe, Anglo-arabe, Selle français et Trotteur français), 3 populations marocaines (Arabe, Arabe-barbe et Barbe) et 4 populations américaines (Pur-sang, Arabe, Quarter-Horse et Trotteur américain (ou Standardbred)). Trois autres races ont été ajoutées à l'analyse. Le cheval de Przewalski a été utilisé comme population soeur des précédentes, afin de fournir une base à l'établissement des arbres phylogénétiques. Les deux autres, le Paso Fino et le Peruvian Paso, sont deux races de chevaux de selle d'origine sud-américaine (les animaux analysés ici sont élevés aux Etats-Unis) et issues de chevaux hispano-berbères. Les effectifs et les origines sont donnés dans le Tableau 1.

Les données biochimiques proviennent du typage sanguin effectué dans le cadre du contrôle de filiation et ont été fournies par LABOGENA pour les races françaises, L. Ouragh pour les races marocaines et A. T. Bowling pour les races américaines. Sept groupes sanguins (Tableau 2) et 9 systèmes protéiques (Tableau 3) ont été utilisés dans cette étude. Trois groupes sanguins (A, P et Q) n'ont pu être utilisés pour le cheval de Przewalski ainsi qu'un des systèmes protéiques (Gpi) pour les deux populations sud-américaines.

Ces données ont été synthétisées sous forme d'indices de distance. Le principe général de ces indices est que deux races possédant des allèles différents à un même locus ont une distance maximale entre elles, alors que deux races ayant les mêmes allèles, avec des fréquences très proches d'une race à l'autre, ont une distance très faible (cf encadré 3). Les relations phylogénétiques ont été mises en évidence par des arbres (cf encadré 4), élaborés à partir de ces distances.

Tableau 1 : Nom, origine (pays) et effectif pour les 15 populations de chevaux étudiées.

Les données originelles proviennent de (a) Ouragh L. et al. (1994), (b) Labogena, (c) Bowling A.T. (communication personnelle), (d) Bowling A.T. et Clark R.S. (1985) et (e) Bowling A.T. et Ryder O.A. (1987).

Nom	Pays	Taille de l'échantillon	Références
<i>Equus caballus</i>			
Arabe (Ma)	Maroc	389*	a
Arabe (Fr)	France	789	b
Arabe (US)	USA	5.448	c
Arabe-barbe (Ma)	Maroc	594°	a
Barbe (Ma)	Maroc	206□	a
Pur-sang (Fr)	France	3.861	b
Pur-sang (Us)	USA	120.000	
Trotteur français (Fr)	France	4.881	b
Standardbred (Us)	USA	3.000	c
Selle français (Fr)	France	3.856	b
Anglo-arabe (Fr)	France	424	b
Quarter Horse (Us)	USA	32.065	c
Paso Fino (Us)	USA	108	d
Peruvian Pase (Us)	USA	100	d
<i>Equus przewalski</i>	Parcs zoologiques	96	e

*n = 367 ; °n = 138 ; □n = 168 pour les données des groupes sanguins

Tableau 2 : Liste des 5 systèmes d'antigènes érythrocytaires étudiés en France chez le cheval

Système	Antigène	Allèles
A	8	14
c	1	2
d	18	23
k	1	2
p	2	3
q	4	5
u	1	2

Sources	Protéine	Locus	Allèle
Plasma	Inhibiteur des protéases	Pi	18
	Albumine	Al	3
	Gc protéines	Gc	2
	Estérase	Es	6
	A1B Glycoprotéine	A1B	3
	Transferine	Tf	12
Globules rouges	6-Phosphogluconate déshydrogénase	Pgd	3
	Phosphoglucomutase	pgm	3
		Gpi	3

Tableau 3 : Liste des 9 systèmes protéiques étudiés en France chez le cheval

Encadré 3

Distance génétique

Lorsque l'on considère plusieurs loci observés dans plusieurs populations, l'information disponible devient vite très volumineuse (nombre de population x nombre total d'allèles à l'ensemble des loci). On est alors amené à synthétiser cette information, afin de faciliter la mise en évidence des ressemblances ou des dissimilarités entre populations. Ainsi définit-on des distances génétiques, qui sont en général analogues à des distances géométriques. Différents indices existent, permettant de calculer des distances génétiques à partir des données du polymorphisme moléculaire. L'indice le plus fréquemment utilisé est la distance génétique standard proposée par Nei (1972) et définie ainsi :

- soit :
- n le nombre de loci considérés ;
 - m_i le nombre d'allèles au locus i ;
 - x_{ij} et y_{ij} les fréquences du jème allèle au locus i dans les populations X et Y respectivement,
- On calcule :

$$J_x = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^{m_i} x_{ij}^2 \quad , \quad J_y = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^{m_i} y_{ij}^2 \quad \text{et} \quad J_{xy} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^{m_i} x_{ij} y_{ij}$$

La distance génétique entre les deux populations (D) se calcule alors :

$$D = \ln \left(\frac{J_{xy}}{\sqrt{J_x J_y}} \right)$$

On remarque que le terme entre parenthèses prend la valeur 0 lorsque les deux populations n'ont aucun allèle en commun : D tend alors vers l'infini. Lorsque toutes les fréquences géniques sont égales d'une population à l'autre, le terme entre parenthèses vaut 1 et la distance génétique est nulle.

D'une manière générale, la distance génétique entre deux populations croît avec les différences de fréquences alléliques entre elles : la distance est maximale entre deux populations qui ne partagent aucun allèle en commun. A l'opposé, deux populations qui auraient des fréquences alléliques rigoureusement identiques, à tous les loci observés, seraient caractérisées par une distance nulle (il en va ainsi de la distance génétique d'une population avec elle-même).

Encadré 4

Arbres phylogénétiques

Plusieurs méthodes, rendant compte de la divergence génétique et des relations phylogénétiques entre les populations, sont proposées. L'étude présentée ici utilise les méthodes, dites phénétiques, basées sur l'élaboration d'arborescences (ou phénogrammes) à partir d'une matrice de distance génétique (cf encadré 3). La distance génétique mesurée entre deux populations va permettre d'exprimer le degré de similitude de ces deux populations entre elles. Plus cette similitude sera grande (plus la distance sera faible) et plus les liens de parenté unissant ces deux populations seront étroits. Deux types de traitement ont été retenus : l'UPGMA (Sneath et Sokal, 1973) à partir de la distance génétique standard de Nei (1972) et la méthode du Neighbor-Joining (Saitou et Nei, 1987) avec la distance de corde de Cavalli-Sforza et Edwards (1967).

UPGMA (Sneath et Sokal, 1973)

Il s'agit d'une méthode de classification hiérarchique des populations analysées. Tout d'abord, les deux populations les plus proches vont être agglomérées en une seule unité. Puis on calculera les distances moyennes entre toutes les populations restantes et cette nouvelle unité : une nouvelle matrice de distance sera alors créée. A chaque étape, on va agglomérer les deux populations ou groupes de populations les plus proches et ainsi de suite jusqu'à ce que toutes les populations soient agglomérées pour obtenir l'arbre final. Cette construction impose l'hypothèse que les vitesses d'évolution sont identiques entre les différentes branches de l'arbre (hypothèse de l'horloge moléculaire) et donc que la distance mesurée sur l'arbre entre deux populations est proportionnelle au temps de divergence entre ces deux populations. Ils sont donc naturellement enracinés.

Neighbor-joining (Saitou et Nei, 1987)

Cette méthode qui n'impose aucune contrainte dans les vitesses d'évolution entre les lignées (pas d'horloge moléculaire). Le principe de cette méthode est de trouver, à partir d'un arbre initial en étoile, les associations entre les différentes populations analysées qui vont minimiser la longueur des branches, l'arbre de longueur minimum étant considéré comme le plus vraisemblable. Les arbres obtenus par Neighbor-Joining sont orientés (enracinés) avec le cheval de Przewalski.

La stabilité des noeuds obtenus dans les arbres est estimée par la méthode de ré-échantillonnage dite du bootstrap. Elle consiste à tirer au hasard, et avec remise, un ensemble de K caractères parmi les K caractères constituant les données. Les caractères sont ici les 16 marqueurs sanguins. Le tirage avec remise fait que certains caractères, dans le nouvel échantillon, seront présents plusieurs fois et que d'autres seront absents, il y a une pondération de ces caractères. 1000 nouveaux ensembles de données ont ainsi été créés et utilisés pour élaborer des arbres (selon les différentes méthodes). La comparaison des différents arbres permet d'estimer la fréquence d'apparition des regroupements entre les populations. Plus cette fréquence d'apparition est grande (valeurs de ré-échantillonnage données sur les arbres dans les figures 2 et 3) et plus le groupe est considéré comme fiable.

Pour en savoir plus (encadrés 3 et 4) : Darlu P. et Tassy P., 1993. Reconstruction phylogénétique. Concepts et méthodes. Masson, Collection Biologie théorique, Paris, 245 p.

Résultats et discussion

Il est important de noter qu'aucun locus étudié n'est discriminant entre les races dans la mesure où aucun n'a été trouvé fixé, dans une race, pour un allèle qui n'existerait pas dans les autres races.

Ces dernières ne peuvent être distinguées que par des différences de fréquences alléliques. Il en est de même pour le cheval de Przewalski qui présente en plus des d'allèles spécifiques à

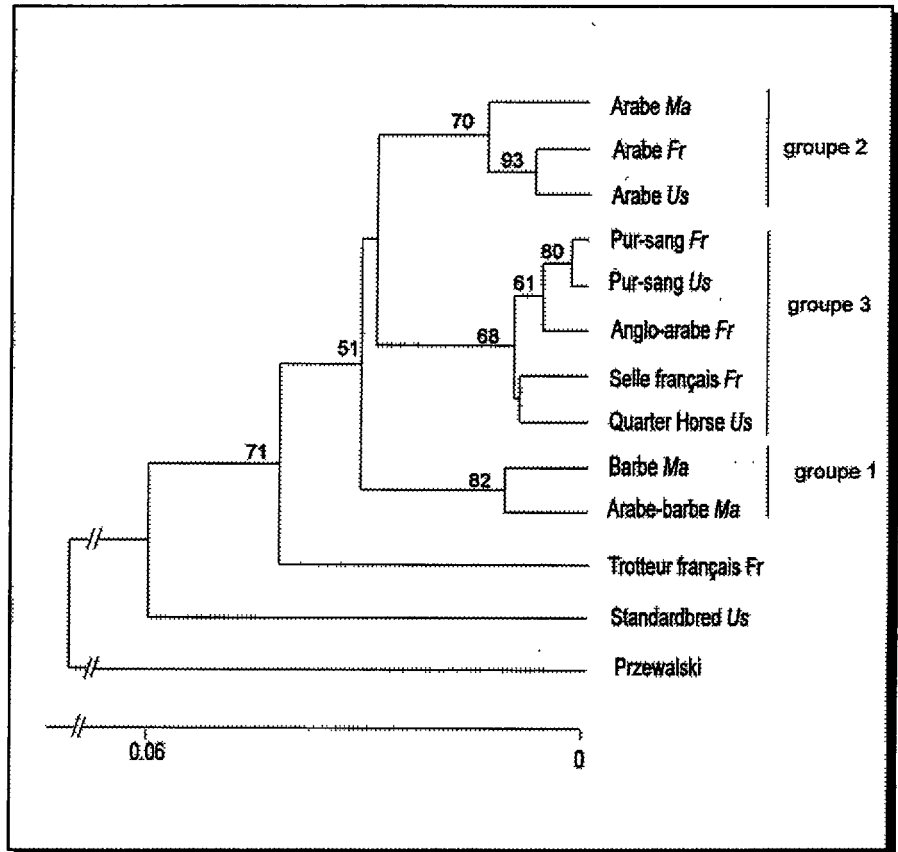
certaines loci. Tous les arbres obtenus montrent une topologie similaire avec l'existence de 3 lignées majeures. Seuls deux d'entre eux sont présentés, l'un avec les 12 populations de chevaux de

course et de sport et le cheval de Pzewalski (Figure 2) et l'autre avec 15 populations (Figure 3), les deux races sud-américaines étant alors rajoutées.

Les deux premières lignées divergentes sont le Standardbred et le Trotteur français. Ces deux races sont principalement issues d'anciennes populations européennes (Bowling et Clark, 1985 ; Baudoin, 1991). La forte différenciation observée ici peut résulter de celle existant préalablement entre les anciennes races fondatrices : le Trotteur français trouve son origine essentiellement dans la population normande alors que le Standardbred est issu de juments venant de toute l'Europe apportées par les colons européens entre le XVIIIème et le XIXème siècle (Bowling et Clark, 1985). Cette différence initiale sera renforcée par la suite par l'appartenance, de ces deux populations, à des programmes de sélection différents malgré des objectifs similaires. Il faut aussi signaler l'existence d'effets fondateurs important dans les deux races (Bowling et Clark, 1985 ; Moureaux *et al.*, 1996) qui ont certainement contribué à maintenir, sinon à accroître, une différenciation génétique entre ces deux races. Enfin, ce résultat est en accord avec Moureaux *et al.* (1995) qui mettent en évidence que les Trotteurs étrangers ont une faible contribution dans le patrimoine génétique actuel du Trotteur français : 91% des gènes actuels proviennent de fondateurs eux-mêmes Trotteurs français, 7% de Trotteurs étrangers et 2% de Pur-sang et divers autres races.

La troisième lignée regroupe toutes les autres races. Ces dernières sont issues de fondateurs Arabes (il s'agit des 3 populations Arabes française, marocaine et américaine), ou ont incorporé, à un degré plus au moins élevé, des gènes Arabes dans leur patrimoine génétique. On peut distinguer 3 groupes : (1) le groupe des chevaux Barbes, (2) les Arabes et (3) les Pur-sang et les races dérivées. Les distances génétiques (D) calculées au sein et entre ces différents groupes sont présentées dans

Figure 2 : Relations génétiques entre les 12 races de chevaux de course et de sport et le cheval de Przewalski. L'arbre a été élaboré à partir des distances génétiques, calculées sur 13 marqueurs sanguins. Les valeurs de ré-échantillonnage (en %) sont données quand elles sont supérieures à 50%. Plus ces valeurs sont élevées, plus les regroupements concernés sont considérés comme fiables



le Tableau 4. Les valeurs de ré-échantillonnages relativement fortes observées (Figure 2) permettent d'avoir une certaine confiance dans la réalité de ces regroupements.

Les deux populations de Pur-sang montrent la plus forte proximité génétique (et donc la plus faible distance ; $D = 0,003$). Cela est dû à sa condition de race internationale avec une gestion intégrée des stud-book nationaux et aux nombreux échanges de reproducteurs qui ont lieu entre les populations appartenant à différents pays. Pour les mêmes raisons, cette forte proximité ($D = 0,01$) est aussi trouvée entre les populations d'Arabes française et américaine. Par contre, ces deux populations apparaissent relativement plus diver-

gentes de celle élevée au Maroc ($D = 0,016$ et $0,024$). L'élevage de l'Arabe français n'a concerné, pendant très longtemps, que de faibles effectifs, tout en étant étroitement associés à l'élevage de l'Anglo-arabe. Ce n'est qu'à partir des années 70 que cet élevage s'est réellement développé indépendamment de l'Anglo-arabe. Cette expansion s'est effectuée en puisant largement dans les populations étrangères : on pourra noter que le « poids » des fondateurs étrangers dans l'Arabe en France est de 51% (Moureaux *et al.*, 1995). Plus précisément, les reproducteurs provenaient essentiellement de Pologne et, pour une plus faible part, des Etats-Unis et d'Egypte. Le marché américain étant alors identique (recherche d'animaux répondant aux mêmes critères esthéti-

Figure 3 : Relations génétiques entre les 12 races de chevaux de course et de sport, les deux races de chevaux de selle américains et le cheval de Przewalski. L'arbre a été élaboré à partir des distances génétiques calculées sur 12 marqueurs sanguins. Les valeurs de ré-échantillonnage (en %) sont données quand elles sont supérieures à 50%. Plus ces valeurs sont élevées, plus les regroupements concernés sont considérés comme fiables

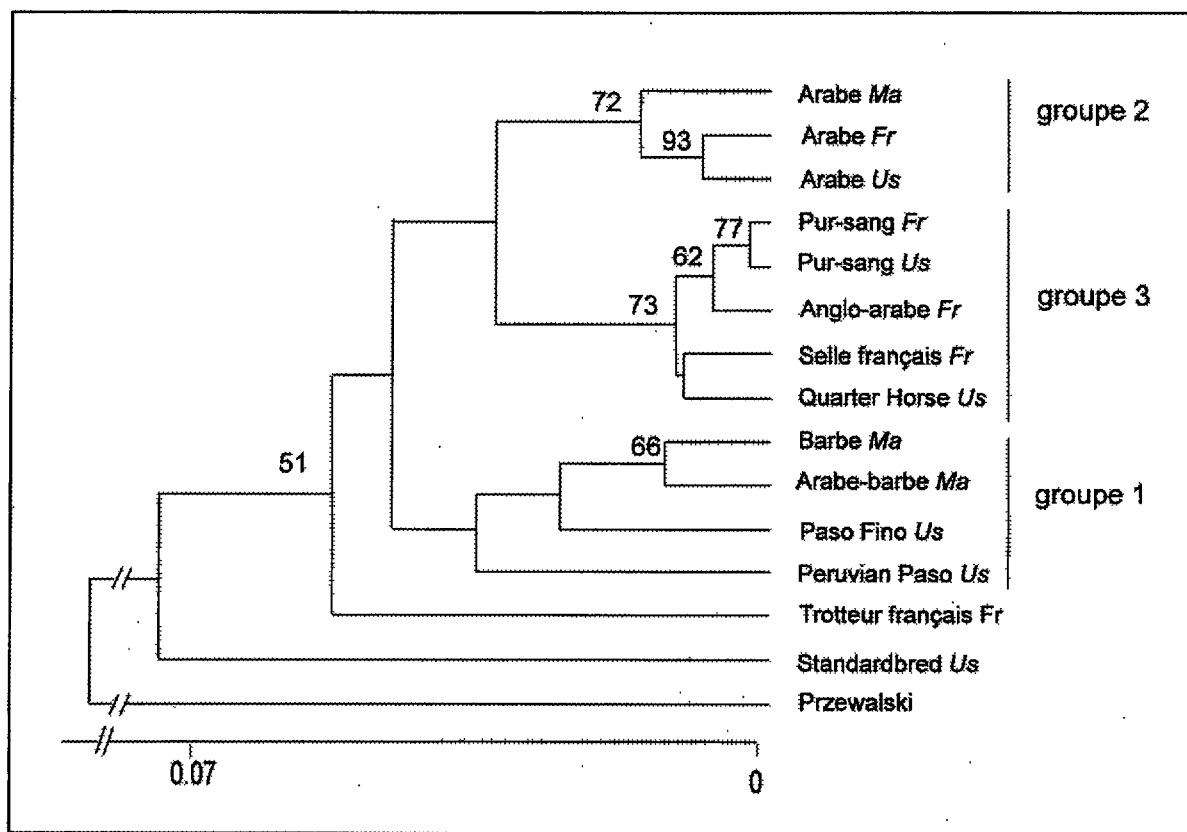


Tableau 4 : Distances génétiques moyennes calculées au sein et entre les groupes de races de chevaux. Les distances (distance standard de Nei, 1972) ont été calculées sur l'ensemble des 16 marqueurs sanguins. Les groupes (voir le texte pour une explication) sont composés de : (1) le Barbe et l'Arabe-barbe, (2) les populations Arabes françaises, marocaines et américaines et (3) les Pur-sang français et américains, l'Anglo-arabe, le Selle français et le Quarter Horse. Les deux races de trotteur (Trotteur français et Standardbred) sont maintenues séparées.

	Groupe Barbes	Groupe Arabes	Groupe Pur-sang & dérivés	Trotteur français	Standardbred
	(1)	(2)	(3)	Fr	Us
Groupe Barbes	0.012				
Groupe Arabes	0.032	0.017			
Groupe Pur-sang & dérivés	0.043	0.037	0.012		
Trotteur français Fr	0.041	0.038	0.058	---	
Standardbred Us	0.066	0.069	0.091	0.066	---

ques), cela peut expliquer la forte convergence, que l'on observe ici, entre les deux populations par rapport à celle provenant du Maroc qui fut moins concernée par ces échanges. Les races de sport françaises apparais-

sent comme clairement apparentées au Pur-sang qui se révèle ainsi déterminant dans la constitution de l'Anglo-arabe et du Selle français. Ceci est cohérent avec l'importance de la contribution du Pur-sang au patrimoine

génétique de ces deux races (cf encadré 1) ; contribution qui est respectivement de 55% pour l'Anglo-arabe et entre 60 et 70% pour le Selle français. De même, l'origine de l'Anglo-arabe où le Pur-sang et l'Arabe contribuent pour 83%

(Moureaux *et al.*, 1995) explique que la distance génétique observée entre ce dernier et le Pur-sang ($D = 0,007$) soit plus faible que celle mesurée entre le Pur-sang et le Selle français ($D = 0,01$), ce dernier ayant une contribution relativement importante (environ 20%) d'anciennes populations équines françaises et principalement normandes.

Contrairement aux races françaises, une large différenciation a été trouvée entre les races de chevaux de selle américaines : le Paso Fino et le Peruvian Paso se regroupent avec les Barbes et Arabes-barbes tandis que le Quarter-Horse se trouve au sein du groupe formé par les Pur-sang et les races dérivées. Cela résulte, au moins en grande partie, de l'ampleur de la contribution, à leur patrimoine génétique, des premières

populations équines américaines, descendant des animaux amenés par les explorateurs espagnols. Les deux premières races proviennent totalement de ces chevaux espagnols, alors que le Quarter-Horse n'en dérive que partiellement (Bowling et Clark, 1985). En effet, cette race, apparue entre le XVII^{ème} et le XVIII^{ème} siècle dans les états de la côte Est des Etats-Unis, est issue du mélange entre les populations espagnoles préalablement présentes et des Pur-sang et autres races européennes importées à cette époque par les colons. La faible stabilité du regroupement (valeurs de ré-échantillonnages < 50%) du Quarter-Horse avec le groupe Pur-sang et dérivés résulte, au moins en partie, de ces origines multiples décrites ci-dessus.

Enfin, la comparaison des valeurs de ré-échantillonnage obtenues pour le groupe « Barbe » dans les Figures 2 et 3 montre une diminution de la robustesse de ce regroupement à la suite de l'incorporation dans l'arbre du Paso-Fino et du Peruvian Paso. Ces derniers ont une ascendance mélangeant des origines berbères et européennes (notamment des chevaux de races Andalousse et Barbe). Ces origines européennes tendent à créer un certain rapprochement entre ce groupe et celui des Pur-sang et dérivés. Cette comparaison des arbres en fonction des populations ajoutées met en évidence les limites de ce type d'étude, et notamment les déséquilibres qui peuvent résulter de l'histoire particulière des populations analysées et du degré de parenté qui peut exister entre elles.

Conclusion

Les résultats de l'étude des relations génétiques entre les races, en fonction du polymorphisme biochimique, sont cohérents avec ce que l'on connaît de leur histoire et de la contribution de chacune au patrimoine génétique actuel des races de sport ou de course. Cette étude permet notamment de confirmer la constitution génétique origi-

nale des races de Trotteurs et, plus particulièrement, de mettre en avant une forte différenciation génétique entre le Standardbred et toutes les autres races de chevaux, dont le Trotteur français.

Si tous les autres groupes de races sont clairement différenciés, leurs relations génétiques ne sont pas complètement

résolues. Les topologies observées sur les arbres ne sont pas toutes supportées par de fortes valeurs de ré-échantillonnages. Cela reflète le passé de ces races. En effet, ces dernières sont le fruit d'une succession d'isolements et de croisements, que l'analyse génétique proposée ici ne peut prendre complètement en compte.

Remerciements

Les auteurs remercient vivement Ann T. Bowling, (Université de Californie, Davis, USA) et Lahoussine Ouragh, (Institut agronomique et vétérinaire Hassan II, Rabat, Maroc) pour la communication des résultats concernant les fréquences alléliques au sein des races américaines et marocaines ; ainsi que Bertrand Langlois (Equipe Cheval, Station de génétique quantitative et appliquée, INRA, Jouy en Josas) et Etienne Verrier (Institut national agronomique Paris-Grignon) pour leur relecture du manuscrit et leurs commentaires avisés.

Bibliographie

- Baudoin N., 1991. *Les races de chevaux et de poneys en France*. CEREOPA Ed. Paris, 126 p.
- Boscher M. Y. et Mériaux J. C., 1994. Les groupes sanguins comme outil d'identification et de sélection des équins et des ruminants. *Le point vétérinaire*, 25 (157), 33-39.
- Bowling A. T. et Clark R. S., 1985. Blood group and protein polymorphism gene frequencies for seven breeds of horses in the United States. *Animal Blood Groups Biochemical Genetics*, 16, 93-108.
- Bowling A. T. et Ryder O. A., 1987. Genetic studies of blood markers in Przewalski's horses. *The Journal of Heredity*, 78, 75-80.
- Cartron J. P., 1993. Groupes sanguins. In traité d'immunologie, J. F. Bach (coord.), Médecine Sciences Flammarion, Paris, 187-239.

- Cavalli-Sforza L. L. et Edwards A. W. F. 1967. Phylogenetic analysis : models and estimation procedure. *Evolution*, **21**, 550-570.
- Cunningham P., 1991. La génétique des Pur-sang. *Pour la Science*, **165**, 82-89.
- Dufosset J. M., 1984. Le cheval de Selle français : origine, définition, morphologie et aptitude à l'obstacle. Thèse vétérinaire, Maisons-Alfort, France.
- Fischer R. A. et Scott A. M., 1978. Isoelectric focusing of horse serum esterase isozymes and detection of new phenotypes. *Animal Blood Groups Biochemical Genetics*, **9**, 207-213.
- Gahne B., 1966. Studies on the inheritance of electrophoretic forms of transferrins, albumins, prealbumins and plasma esterases of horses. *Genetics*, **53**, 681-694.
- Gahne B., Juneva R. K. et Grolmus J., 1977. Horizontal polyacrylamide gradient gel electrophoresis for the simultaneous phenotyping of transferrin, post-transferrin, albumin, postalbumin in the blood plasma of cattle. *Animal Blood Groups Biochemical Genetics*, **8**, 127-137.
- Guérin G., 1986. La distribution des marqueurs sanguins dans les races équinnes. Analyse sur un échantillon de Pur-sang, Trotteur français et Selle Français. CEREOPA, 12ème Journée d'étude, 2-13.
- Juneva R. K., Anderson L., Sandberg K., Gahne B., Adalsteinsson S. et Gunnarsson E., 1984. Two dimensional electrophoresis of horse serum proteins: genetic polymorphism of ceruloplasmin and two other serum proteins. *Animal Blood Groups Biochemical Genetics*, **15**, 237-250.
- Lubas G., Gugliucci B., Mengozzi G. et De Berardinis T., 1984. Genetic markers in the blood of four Italian horse breeds. *Animal Blood Groups and Biochemical genetics*. **15**, 133-135.
- Mériaux J. C., 1994. Identification et contrôle de filiation par les groupes sanguins. *Equ'idée*, **13**, 64-67.
- Moureaux S., Ricard A., Mériaux J. C. et Verrier E., 1995. Caractérisation génétique des races françaises de sport et de course et analyse de leur variabilité génétique. Institut du cheval, 21ème journée d'étude, 100-105.
- Moureaux S., Verrier E., Ricard A. et Mériaux J. C., 1996. Genetic variability within French race and riding horse breeds from genealogical data and blood marker polymorphism. *Genetics Selection Evolution*. **28**, 83-102.
- Nei M., 1972. Genetic distance between populations. *American Naturalist*. **106**, 283-292.
- Ouragh L., 1987. Les variants électrophorétiques protéiques chez le cheval : une mise au point., *Recherche Médecine Vétérinaire*, **163** (1), 57-67.
- Ouragh L., Mériaux J. C. et Braun J. P., 1994. Genetic blood markers in Arabian, Barb and Arab-Barb horses in Morocco. *Animal Genetics*, **25**, 45-47.
- Roitt I., Borstoff J. et Male D., 1989. *Immunologie fondamentale et appliquée*, 2ème édition, MEDSI/McGraw-Hill, Paris.
- Smithies O., 1955. Zone electrophoresis in starch gels: group variations in the serum proteins of normal human adults. *Biochemical Journal*, **61**, 629-641.
- Sneath P. H. A. et Sokal R. R. 1973. *Numerical taxonomy*. Freeman W. H. and Co., San Francisco.
- Saitou N. et Nei M., 1987. The Neighbor-joining Method a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, **4** (4), 406-425.

