

MARQUEURS GÉNÉTIQUES SANGUINS CHEZ LES CHEVAUX DE TRAIT EN FRANCE

Marie KAMINSKI, A. VAN DE WEGHE *, Y. BOUQUET * et Luba PODLIACHOUK **
avec la collaboration technique de Mmes Roselyne BEAUD, Françoise FIGACHE,
de Mlle Michèle SYKIOTIS et de M. J. M. GENNA

Laboratoire d'Enzymologie du C. N. R. S., 91190 Gif-sur-Yvette, France

** Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Gand,
9220 Merelbeke (Belgique)*

*** Société d'Encouragement pour l'Amélioration des races de chevaux en France,
détachée au Laboratoire de Génétique Biochimique,
Centre national de Recherches zootechniques, I. N. R. A.,
78350 Jouy-en-Josas, France*

RÉSUMÉ

Le polymorphisme génétique des constituants sanguins, exprimé par 7 systèmes d'antigènes érythrocytaires et par 8 systèmes de protéines dont 5 enzymes, a été analysé et comparé dans 6 races de chevaux de trait français : *Ardennais, Boulonnais, Breton, Cob Normand, Comtois et Percheron*.

Ces systèmes « marqueurs » définissent, pour chacune de ces races, un « profil génétique » caractéristique, qui, de plus, permet de distinguer les chevaux de trait des chevaux « de sang », en particulier du *Pur Sang Anglais*.

La variabilité génétique des chevaux de trait est notablement plus marquée que celle des chevaux de sang; le nombre d'allèles est supérieur et les fréquences sont différentes pour les allèles communs aux deux groupes.

INTRODUCTION

L'étude comparée des marqueurs génétiques sanguins de chevaux, a montré, dès les résultats préliminaires (PODLIACHOUK et KAMINSKI, 1972), des différences notables entre le groupe des chevaux « de courses » et celui des chevaux de trait. Le premier groupe, comprenant des *Pur Sang Anglais, Arabes, Trotteurs et Anglo-arabes*, a été analysé récemment en détail, en comparant des populations issues de divers pays (PODLIACHOUK *et al.*, 1976).

L'intérêt majeur de l'étude des chevaux de trait est qu'ils dérivent pour la plupart des types équins locaux, connus depuis des temps très anciens, et à ce titre représentant un « capital génétique » transmis à travers des siècles. Ces populations

ont été généralement produites dans une région bien délimitée et soumises à un type de sélection déterminé. Bien qu'il ait pu y avoir, au cours des âges, quelques apports extérieurs, il n'y a pas eu de mélanges entre ces groupes et ainsi les races résultantes ont une individualité bien marquée.

L'usage des chevaux en traction et en agriculture baisse actuellement rapidement et cette régression a entraîné une diminution très sensible des effectifs; leur utilité économique est justifiée à notre époque par la production de viande de boucherie.

MATÉRIELS ET MÉTHODES

A. — Races (QUITTET et BLANC, 1974)

1. Le cheval *Ardennais*, qui serait le descendant des chevaux de Solutré, présente un type façonné par le milieu environnant. L'élevage se fait actuellement dans l'indigénat, et on exporte souvent des étalons *Ardennais* utilisés à rendre plus volumineux d'autres chevaux.

2. L'origine du cheval *Boulonnais* remonterait aux chevaux des légions de César, pour la plupart d'origine arabe, ayant fait souche en Bretagne. Des croisements fréquents avec les *Arabes* pratiqués au Moyen Age, ainsi que des croisements ultérieurs avec des lourds chevaux de *Mecklembourg* et des *Genêts d'Espagne* ont définitivement façonné la race, connue depuis le XVII^e siècle.

3. Le cheval *Breton* a été formé dès le Moyen Age, par des croisements des juments locales avec des *Arabes*; plus tard, même des *Pur Sang Anglais* furent utilisés, et enfin des *Hackneys*. On distingue deux types, le *Trait Breton* et le *Postier Breton*; dans le présent travail ils ont été groupés.

4. Le *Cob Normand* est un demi-sang, sélectionné pour la traction. Il diffère du *Cob Anglais* qui est un cheval à deux usages. La jumenterie *Cob normande* sert actuellement de base à l'élevage du cheval de selle en France.

5. Le cheval *Comtois*, introduit très anciennement par les Burgondes, est un cheval rustique, élevé actuellement dans l'indigénat.

6. Le cheval *Percheron* est marqué, comme le *Boulonnais*, par le sang *Arabe*, et ce depuis les Croisades. Le *Percheron* sélectionné est en fait un métis d'*Arabe* et de cheval indigène, présentant le type morphologique d'un Arabe grossi. La variété à robe noire est particulièrement prise en Amérique.

B. — Echantillons

La plupart des échantillons ont été examinés entre 1972 et 1974, et proviennent des étalons des Haras nationaux, sauf pour le groupe des *Boulonnais*, constitué par des familles.

En tout, plus de 900 chevaux ont été analysés; pour des raisons techniques, tous les systèmes n'ont pas été déterminés sur tous les échantillons.

C. — Techniques

La détermination des antigènes érythrocytaires a été effectuée à l'aide de 26 antisérums spécifiques monovalents. 25 facteurs (antigènes) appartiennent à 7 systèmes génétiques distincts. Pour 16 d'entre eux la nomenclature internationale a été adoptée en 1974 et en 1976. Les techniques électrophorétiques et les procédés de révélation d'activités enzymatiques ont été décrits antérieurement (KAMINSKI *et al.*, 1974); des modifications ont été apportées depuis dans la détermination de transferrine (NIKOLAJCZUK ET BALBIERZ, 1973) et d'estérase (BRAEND, 1970).

RÉSULTATS

I. — Groupes sanguins

Les fréquences des antigènes érythrocytaires sont données dans le tableau 1. On peut constater que les *Boulonnais* diffèrent des autres par des fréquences les

plus faibles des facteurs *Ac*, *Dc*, *F 8*, *F 14*, *Pb* et *Ua*, et par des fréquences les plus fortes des facteurs *Da*, *Qa* et *F 12*. Les *Comtois* diffèrent de l'ensemble des autres races par des fréquences les plus faibles des facteurs *Aa*, *Da* et *J₁* et la fréquence beaucoup plus forte que la moyenne du facteur *Ac*. Enfin les *Percherons* se distinguent par la fréquence plus faible en *Ac* et, par contre, très élevée en *F 12*.

Dans le tableau 2 sont présentées les fréquences alléliques pour les systèmes simples, *C* et *U*, et pour le système complexe *D* (SANDBERG, 1973; PODLIACHOUK *et al.*, 1976). Ce dernier est constitué par au moins 11 allèles codominants : en effet, la découverte récente du facteur *G₂*, se comportant comme un sous-groupe du facteur précédemment dénommé *G* (qui de ce fait devient *G₁*) change la composition du phénogroupe *Dce G 8 14*, qui devient : *Dce G₁ G₂ 8 14*. Un autre nouveau phénogroupe a, également, été trouvé : *Dd G₂*.

Ainsi, dans l'état actuel de nos connaissances, le système génétique *D* comprend 11 antigènes, formant 11 phénogroupes, donc 11 allèles.

Pour le système *D*, un pourcentage important de génotypes peut être déduit directement des phénotypes : dans notre travail ce taux varie de 40 p. 100 chez les *Comtois* à 96 p. 100 chez les *Boulonnais*. De plus, il est possible de reconnaître un des deux allèles parmi les phénotypes restants, qui peuvent correspondre à plusieurs génotypes. Ainsi, le pourcentage des allèles identifiables devient 70 p. 100 chez les *Comtois* et 98 p. 100 chez les *Boulonnais*.

Les fréquences alléliques du système *D* ont été estimées par itération à partir des fréquences initiales des génotypes et des allèles reconnus. 4 à 5 itérations ont suffi à stabiliser les fréquences à la troisième décimale.

La comparaison des fréquences alléliques des groupes sanguins montre une analogie génétique entre les chevaux de trait, mis à part les *Boulonnais*.

Ainsi le phénogroupe (allèle) *Aad* est fréquent, sauf chez les *Comtois* qui, par contre, présentent 78 % de phénogroupe *Ace*, relativement peu représenté dans les autres races de trait et inexistant chez les chevaux de sang. Les phénogroupes *Abd* et *Ab* ont montré des fréquences moyennes; les échantillons manquant d'antigènes du système *A* étaient rares.

L'allèle *Ua* est assez fréquent surtout chez les *Ardennais*; l'allèle *Ka*, par contre, présent chez les chevaux de sang, n'a pas été rencontré chez les chevaux de trait.

Dans le système *D*, les phénogroupes *Dad* et *Dde*, absents chez le *Pur Sang Anglais* (PODLIACHOUK *et al.*, 1976) sont fréquents chez les chevaux de trait surtout *Dad* chez les *Boulonnais*. La fréquence du phénogroupe *Dd 8 14*, faible chez les chevaux de course, est très élevée chez les chevaux de trait. D'autre part, ces derniers ne possèdent pas, ou très peu de phénogroupes *Dd*, *Ddf*, *Ddc 14* et *Dce G 8 14*, plutôt fréquents chez les *Pur Sang Anglais* ou les *Trotteurs*. Le phénogroupe *Dcef 8 14*, trouvé jusqu'ici seulement chez les *Trotteurs*, n'a été détecté chez aucun cheval de trait. Enfin l'allèle *Dc 8 14*, bien qu'absent chez les *Boulonnais*, se retrouve aussi bien chez les chevaux de trait que chez ceux de sang ou les *Trotteurs*.

2. — Polymorphisme électrophorétique

Les tableaux 3 et 4 donnent la répartition des phénotypes et l'estimation des fréquences géniques des divers systèmes dans les races étudiées.

TABLEAU 2

A. *Fréquences alléliques pour les systèmes C et U*
Allelic frequencies for the C and U systems

	Nombre	Ca	Ua
<i>Ardennais</i>	124	0,55	0,56
<i>Boulonnais</i>	116	0,36	0,16
<i>Breton</i>	260	0,40	0,45
<i>Comtois</i>	457	0,58	0,36
<i>Percheron</i>	101	0,51	0,34

B. *Fréquences alléliques comparées pour le système D chez les chevaux de trait,*
les Pur Sang Anglais et les Trotteurs

Allelic frequencies for the system D in Draft, Thoroughbred and Trotters

Phénogroupes	<i>Ardennais</i> n = 90	<i>Boulonnais</i> n = 117	<i>Bretons</i> n = 200	<i>Comtois</i> n = 60	<i>Percherons</i> n = 87	<i>Pur Sang Anglais</i> n = 530 (*)	<i>Trotteurs</i> n = 1500
<i>Dd</i>	0	0	0,090	0,188	0,108	0,156	0,144
<i>Dad</i>	0,367	0,615	0,278	0,106	0,204	0	0,074
<i>Dde</i>	0,085	0,096	0,121	0,176	0,158	0	0,053
<i>Ddf</i>	0	0	0	0	0	0,025	0,109
<i>Dbc 14</i>	0,011	0,030	0,013	0,017	0,029	0,194	0,075
<i>Dc 8 14</i>	0,188	0	0,220	0,133	0,144	0,182	0,295
<i>Dde J₁</i>	0,089	0,093	0,106	0,017	0,097	0,068	0,173
<i>Dd 8 14</i>	0,237	0,167	0,173	0,348	0,254	0,025	0,070
<i>Dcef 8 14</i>	0	0	0	0	0	0	0,006
<i>Dce G 8 14</i>	0,023	0	0	0,017	0,006	0,142	0,003

(*) Il restait 21 p. 100 de phénotypes non interprétés.

Pour l'*Albumine* les fréquences de AI^F sont toujours plus faibles que celles de AI^S ; les variations entre les races sont peu importantes.

Dans le système de *Transferrine*, l'allèle Tf^F prédomine et sa fréquence moyenne est très voisine de celle du *Pur Sang Anglais*: 0,457 contre 0,474. Pour Tf^D les écarts entre les populations sont très sensibles et il est, en moyenne, moins fréquent chez les chevaux de trait que chez les chevaux de sang: 0,138 contre 0,315. Tf^H , le plus fréquent chez les *Ardennais*, est en moyenne deux fois plus fréquent chez les chevaux de trait que chez ceux du sang. Enfin Tf^R , rare chez les chevaux de course et totalement absent chez les *Arabes* d'origine diverse, est relativement fréquent chez les chevaux de trait: moyenne 0,137.

Sur le plan de phénotypes, les effectifs attendus diffèrent d'une façon significative des observés pour les *Ardennais*, *Bretons* et *Comtois*.

TABLEAU 3

Répartition de phénotypes et fréquences alléliques des systèmes génétiques du sérum
chez les chevaux de trait
Phenotypes and allelic frequencies of serum genetic systems in draft horses

Race	Système = Albumine AI						
	N	F	FS	S	AIF	AIS	
<i>Ardennais</i>	121	15	64	42	0,3884	0,6116	
<i>Boulonnais</i>	114	22	54	38	0,43	0,57	
<i>Breton</i>	291	28	135	128	0,328	0,672	
<i>Cob Normand</i>	108	15	51	41	0,375	0,625	
<i>Comtois</i>	65	7	25	33	0,3	0,7	
<i>Percheron</i>	112	16	65	31	0,433	0,567	

Race	Système = Estérase Es (1)											
	N	F	FG	G	FI	GI	I	IS	EsF	EsG	EsI	EsS
<i>Ardennais</i>	128	5	9	19	32	16	45	2	0,199	0,246	0,547	0,008
<i>Boulonnais</i>	114	0	2	9	4	38	60	1	0,026	0,256	0,714	0,004
<i>Breton</i>	314	20	29	38	97	52	75	3	0,264	0,25	0,482	0,004
<i>Cob Normand</i>	108	2	8	5	26	20	47	0	0,176	0,176	0,648	0
<i>Comtois</i>	65	0	0	1	20	5	36	3	0,154	0,054	0,769	0,023
<i>Percheron</i>	143	4	9	26	18	37	47	2	0,122	0,343	0,528	0,007

TABLEAU 3 (suite)

Système = Transferrine Tf

Race	N	D	DF	DH	DO	DR	F	FH	FO	FR	H	HO	HR	O	OR	R
<i>Ardennais</i>	124	2	12	12	1,	2	16	15	4	17	27	5	7	0	1	3
<i>Boulonnais</i>	114	5	15	7	0	5	38	7	2	20	3	1	4	0	0	7
<i>Breton</i>	311	3	25	12	8	4	112	24	32	26	12	12	21	5	3	12
<i>Cob Normand</i>	108	1	18	6	3	6	24	16	17	9	0	2	3	1	1	1
<i>Comtois</i>	65	8	10	10	0	4	17	1	2	10	0	0	3	0	0	0
<i>Percheron</i>	116	2	12	6	3	9	28	8	13	15	4	2	10	2	1	1

Race	TfD	TfF	TfH	TfO	TfR
<i>Ardennais</i>	0,125	0,323	0,375	0,044	0,133
<i>Boulonnais</i>	0,162	0,526	0,110	0,019	0,189
<i>Breton</i>	0,088	0,532	0,150	0,105	0,125
<i>Cob Normand</i>	0,160	0,5	0,125	0,115	0,100
<i>Comtois</i>	0,308	0,438	0,108	0,016	0,130
<i>Percheron</i>	0,146	0,448	0,146	0,100	0,160

(1) Une bande plus lente que I a été observée plusieurs fois à pH acide et dénommée K; les phénotypes ont été K et JK chez les Cob, FK chez les Percherons et GK chez les Boulonnais. Par suite du manque de données familiales, cette bande est assimilée à I dans le calcul des fréquences.

TABLEAU 4

Répartition de phénotypes et fréquences alléliques des systèmes génétiques des enzymes de l'hémolyse chez les chevaux de trait
 Phenotypes and allelic frequencies of genetic systems for haemolysate enzymes in draft horses

Race	N	6-phospho-gluconate-déshydrogénase (PGD)												
		DF	F	FS	S	PGDD	PGDF	PGDS	Phosphohexose isomérase (PHI)					
									FI	I	IS	PHIF	PHII	PHIS
<i>Ardennais</i>	113	2	109	2	0	0,008	0,984	0,008	3	57	0	0,025	0,975	0
<i>Boulonnais</i>	104	0	104	0	0	0	1	0	0	104	0	0	1	0
<i>Breton</i>	279	2	269	7	1	0,003	0,981	0,016	30	193	10	0,064	0,915	0,021
<i>Cob</i>	112	8	86	17	1	0,035	0,88	0,085	3	40	3	0,032	0,936	0,032
<i>Comtois</i>	72	0	72	0	0	0	1	0	9	58	0	0,067	0,933	0
<i>Percheron</i>	114	1	102	10	1	0,004	0,943	0,053						

Race	N	Phosphoglucomutase (PGM)											
		F	FS	S	PGMF	PGMS	N			Phosphohexose isomérase (PHI)			
							FI	I	IS	PHIF	PHII	PHIS	
<i>Ardennais</i>	81	11	20	50	0,26	0,74	60	3	57	0	0,025	0,975	0
<i>Boulonnais</i>	108	13	38	57	0,296	0,704	104	0	104	0	0	1	0
<i>Breton</i>	195	22	49	124	0,238	0,762	233	30	193	10	0,064	0,915	0,021
<i>Comtois</i>	44	3	16	25	0,25	0,75	46	3	40	3	0,032	0,936	0,032
<i>Percheron</i>	67	2	8	57	0,089	0,911	67	9	58	0	0,067	0,933	0

Race	N	Catalase (Cc)				N	Anhydrase carbonique (CA)			
		CcF		CcS			CAO		CAS	
<i>Ardennais</i>	64	.45	.55	65	.081	.962	.008	0		
<i>Boulonnais</i>	105	.22	.78	82	.085	.915	0	0		
<i>Breton</i>	134	.50	.50	156	.035	.958	.003	.003		
<i>Comtois</i>	43	.41	.59	41	.049	.927	.024	0		
<i>Percheron</i>	53	.37	.63	94	.074	.904	.011	.011		

Pour l'*Estérase*, la caractéristique la plus frappante des chevaux de trait est la fréquence relativement élevée de Es^G (0,238 en moyenne) alors que ce variant est absent chez les *Pur Sang Anglais* et que sa fréquence chez les chevaux de demi-sang est 0,047 pour les *Trotteurs* et 0,065 pour le *Selle Français*.

Parmi les populations étudiées, les fréquences de Es^G et de Es^F varient sensiblement; la fréquence moyenne de Es^F est de 0,183, alors que chez les chevaux de course elle n'est que de 0,028. L'allèle Es^I par contre est bien moins fréquent chez les chevaux de trait, surtout les *Bretons*.

Les effectifs des phénotypes G et GI observés diffèrent de façon significative des effectifs attendus chez les *Ardennais*, les *Bretons* et les *Percherons*.

Parmi les enzymes de l'hémolysat, le système de la *6-phosphogluconate déshydrogénase* présente une différence marquée entre le groupe des chevaux de trait et celui des chevaux de course. Chez les premiers on a trouvé la bande D , absente chez les seconds. De plus, la fréquence moyenne de $PDGF$ est de 0,97 chez les trait, alors qu'elle est de 0,58 chez les *Pur Sang Anglais*. Ainsi le phénotype S n'a été trouvé que chez seulement 3 chevaux de trait sur 775 examinés contre 143 sur 843 *Pur Sang Anglais*.

Pour la *Phosphoglucomutase*, l'allèle le plus fréquent est PGM^S . Chez les chevaux de trait on en trouve en moyenne 89 % contre 100 % chez les *Pur Sang Anglais* et 94 % chez les *Trotteurs*. La présence de PGM^F chez les chevaux de trait se manifeste par la fréquence appréciable d'individus de phénotype F : on en a trouvé 10 % contre 1 % chez les *Selle Français* et les *Trotteurs*.

Dans le système de la *Phosphohexose-isomérase* on note la présence de PHI^S chez les *Bretons* et les *Comtois*; cet allèle n'a pas été trouvé chez les chevaux de course. La fréquence de l'allèle prépondérant (PHI^I) est la même chez les chevaux de trait et de course: 0,94 et 0,97 en moyenne.

Parmi les allèles rares, connus à ce jour chez le Cheval, nous n'avons pas rencontré chez les chevaux de trait français de Al^I , Tf^M ni PGM^V . Remarquons que ce dernier est présent chez les chevaux français de demi-sang.

La *Catalase*, presque monomorphe chez les *Pur Sang Anglais*, présente chez les chevaux de trait des fréquences avoisinant 0.5 pour chacun des allèles. Quant à l'*Anhydrase carbonique*, malgré la prépondérance de l'allèle CA^I , on trouve chez les chevaux de trait les variants CA^S et CA^O , absents chez le *Pur Sang Anglais* (tabl. 5).

Une estimation de la variabilité génétique par l'utilisation de 11 systèmes marqueurs sanguins a été effectuée en multipliant les valeurs ($\Sigma p^4 + \Sigma 4 p^2 q^2$) obtenues pour chaque système individuel. Ces estimations nous renseignent sur le nombre d'individus dans un million pouvant posséder le même génotype pour tous les systèmes envisagés: *Ardennais* 19, *Boulonnais* 190, *Breton* 11, *Comtois* 294 et *Percheron* 10. La variabilité génétique pour les systèmes considérés est donc nettement moindre chez le *Boulonnais* et *Comtois* que dans les autres populations.

Une mesure de distance génétique moyenne fut appliquée afin de se rendre compte de la différence génétique séparant 5 populations de chevaux de trait (SOKAL and SNEATH, 1963). Le paramètre D_k dénote la distance génétique entre les populations a et b pour le locus k . Si X_{ia} et X_{ib} représentent les fréquences de l' i -ième

allèle dans les populations a, b, et n'étant le nombre d'allèles pour le locus k, la valeur

$$\text{de } D_k \text{ est : } D_k = \left(\sum_{i=1}^n (X_{ia} - X_{ib})^2 \right)^{\frac{1}{2}}$$

La valeur de D peut fluctuer entre 0 et 1,41 par locus. La globalisation simultanée des distances génétiques fournies par plusieurs loci s'exprime par le coefficient D

$$\text{moyen} = \frac{1}{x} \sum_{k=1}^x D_k, \text{ x étant le nombre de loci pris en considération.}$$

Les coefficients de distances génétiques moyens pour 11 systèmes de marqueurs sanguins sont donnés dans le tableau 6 pour 5 populations de chevaux de trait. On voit par exemple que l'*Ardennais* diffère davantage du *Boulonnais* que le *Breton* du *Percheron*.

TABLEAU 5

Distances génétiques moyennes entre 5 populations de chevaux de trait
Mean genetic distances between five draft horses populations

Race	1	2	3	4	5
1. <i>Ardennais</i>	0	.2645	.1643	.1450	.1455
2. <i>Boulonnais</i>		0	.1977	.2042	.1311
3. <i>Breton</i>			0	.1436	.1289
4. <i>Comtois</i>				0	.1354
5. <i>Percheron</i>					0

DISCUSSION ET CONCLUSIONS

Des études portant sur un nombre limité de marqueurs génétiques sanguins ont été publiées, concernant quelques races et populations. A côté de résultats similaires (PODLIACHOUK *et al.*, 1962; PODLIACHOUK *et al.*, 1966), la comparaison avec nos données présentes montre quelques divergences.

Ainsi, chez les 61 *Ardennais* de Suède (BENGTSSON *et al.*, 1968) on a trouvé moins de Tf^D et Tf^H et davantage de Tf^O et Tf^R . Pour l'estérase, seule la séparation à pH alcalin a été effectuée de sorte que la fréquence rapportée de Es^F correspond en fait à la somme de $Es^F + Es^G$ et dans ces conditions les résultats suédois sont similaires aux nôtres. De même, les 51 *Percherons* d'Afrique du Sud (OSTERFHOFF and WARD-COX, 1967) montrent une fréquence de Es^F compatible avec nos résultats. Par contre, les résultats diffèrent sensiblement pour l'Albumine; Al^F 0,67 et Al^S 0,33, et pour la Transferrine : davantage de Tf^F , (0,7) et nettement moins de Tf^H (0,05) et Tf^R (0). De telles divergences peuvent être imputées soit à l'échantillonnage non représentatif de l'ensemble de la population soit aux réelles différences de souche.

En général, nos résultats démontrent que certains systèmes génétiques présentent un même degré de variabilité chez les chevaux de tous les types — ce sont l'albumine et la transferrine. Par contre, une population peut présenter une variabilité génétique

marquée dans un système et le monomorphisme dans un autre, alors que l'on observe l'inverse dans une autre race. Ainsi, les *Pur Sang Anglais* présentent un polymorphisme accentué pour le 6-PDG et sont très peu polymorphes pour l'estérase, alors que chez les chevaux de trait le polymorphisme de l'estérase est bien développé et celui de 6-PGD l'est peu.

En relation avec l'origine et la différenciation des races des chevaux de trait françaises, il était intéressant de rechercher dans quelle mesure l'ascendance arabe des *Boulonnais* et des *Percherons* était perceptible à travers leur « profil génétique sanguin » actuel. Ces deux races présentent une faible fréquence de l'antigène Ac, absent chez les *Arabes* et plutôt fréquent chez les autres chevaux de trait. Par contre, l'antigène Da, absent chez les *Arabes*, se trouve chez les *Boulonnais* au taux le plus élevé parmi les chevaux de trait. De même l'allèle *Tf^R*, non trouvé chez les *Arabes*, présente chez les *Boulonnais* et chez les *Percherons* des fréquences les plus fortes parmi tous les chevaux de trait.

On ne peut donc, sur la base des données génétiques sanguines actuelles, retrouver la lointaine ascendance *Arabe* chez les *Boulonnais* ni chez les *Percherons*. Les pressions du milieu environnant et celles de la sélection sont allées à l'encontre du patrimoine génétique original, en favorisant l'apport d'autres variants et leur maintien dans ces deux races.

En conclusion, l'ensemble de résultats portant sur plusieurs systèmes génétiques permet de distinguer 3 catégories de chevaux qui correspondent aux types fonctionnels : les chevaux de sang (*Pur Sang Anglais*, *Arabe*, *Anglo-Arabe*) contrastant à l'extrême avec les chevaux de trait, tandis que les chevaux de demi-sang (*Trotteur*, *Selle Français*) occupent une position intermédiaire. Une telle différenciation catégorielle est basée sur l'absence de certains allèles tels les phénogroupes *Ddf*, *Dcef 8 14*, *Ka* chez les chevaux de trait, ou les phénogroupes *Ace*, *Dad*, et allèles *6-PGD^D*, *PGM^F*, *PHI^F*, *PHI^S*, *CA^O*, *Es^G* chez le *Pur Sang Anglais*, ainsi que des différences marquées dans les fréquences alléliques, surtout pour *6-PGD*, *Es*, *Tf*.

En général, dans la majorité des systèmes la variabilité est plus accusée chez les chevaux de trait que chez les chevaux de sang, ce qui se traduit par un taux élevé de l'efficacité dans les contrôles de filiation et d'identification.

Reçu pour publication en septembre 1976.

REMERCIEMENTS

Ce travail a bénéficié du support financier de la *Société d'Encouragement pour l'Amélioration des races de chevaux en France* (Directeur J. ROMANET), ainsi que de l'*Institut pour l'Encouragement de la Recherche Scientifique dans l'Industrie et l'Agriculture* (Bruxelles).

Les auteurs remercient vivement M. BLANC, le Directeur du *Service des Haras*, d'avoir mis à notre disposition les échantillons de sang des étalons des *Haras nationaux*, ainsi que M. CALAIS, Président de la *Fédération du Cheval Boulonnais*, et le Dr. vét. D. DESGUINES, qui ont mis à notre disposition les échantillons de sang des chevaux *Boulonnais*.

Les auteurs expriment leurs remerciements à Mmes R. BEAUD, F. PIGACHE, Mlle M. SYKTIOTIS et M. J. M. GENNA pour l'excellente collaboration technique.

SUMMARY

BLOOD GENETIC MARKERS IN FRENCH DRAUGHT HORSES

The 6 populations studied were: 139 *Ardennais*, 114 *Boulonnais*, 320 *Bretons*, 114 *Cob Normand*, 74 *Comtois*, 151 *Percherons*.

The allelic frequencies of 7 systems of erythrocyte antigens and of 8 systems of polymorphic proteins of serum and haemolysate were determined.

The presence of certain alleles in *A*, *D* and *K* systems of erythrocyte antigens and in Esterase, *6-PGD*, *PGM* and *PHI* systems, as well as notable differences between the allelic frequencies in the *D* erythrocyte antigen system and *6-PGD*, *Tf*, *Es*, allow to propose a classification of the different types of horses. The *Thoroughbreds* are markedly different from the draught horse populations, while *Trotters* occupy an intermediate position. The genetic variability is more pronounced in draught horses than in light horses.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- BRAEND M., 1970. Genetics of Horse acidic Prealbumins. *Genetics*, **65**, 495-503.
- BENGTSSON S., GAHNE B., RENDEL J., 1968. Genetic Studies on Transferrins, Albumins, Prealbumins and Esterases in Swedish Horses. *Acta Agr. Scand.*, **18**, 60-64.
- KAMINSKI M., BOUQUET Y., VAN DE WEGHE A., PODLIACHOUK L., 1974. Ontogenèse des marqueurs génétiques sanguins chez le Cheval. *Ann. Génét. Sél. Anim.*, **6**, 195-210.
- NIKOLAJCZUK M., BALBIERZ H., 1973. Simultaneous Determination of Transferrin and Albumin Phenotypes in Horses. *Arch. Immun. Ther. Exper. (Pol.)*, **21**, 577-581.
- OSTERHOFF D. R., WARD-COX F. S., 1967. A preliminary Horse Breed Comparison with Regard to Haemoglobin and Serum Type Polymorphism. *Proc. S. Afr. Soc. Anim. Prod.*, 218-223.
- PODLIACHOUK L., KACZMAREK A., ZWOLINSKI J., 1962. Les groupes sanguins des chevaux de six races de Pologne. *Ann. Inst. Pasteur*, **103**, 943-949.
- PODLIACHOUK L., KAMINSKI M., 1972. Studies on Blood Groups, Esterases and Transferrins in light and draught Horses. Abstr. XIIIth Europ. Conf. Anim. Blood Grps Biochem. Polymorph. (Vienne). *Anim. Blood Grps Biochem. Genet.*, **3**, suppl. I, 46-47.
- PODLIACHOUK L., Kaminski M., VAN DE WEGHE A., BOUQUET Y., ZWOLINSKI J., SIUDZINSKI S., 1976. Marqueurs Génétiques sanguins chez les chevaux de course. *Ann. Génét. Sél. Anim.*, **7**, 339-355.
- PODLIACHOUK L., KAMINSKI M., ZWOLINSKI J., 1975. Étude des marqueurs génétiques sanguins dans deux races de Poneys de Pologne. *Ann. Génét. Sél. Anim.*, **7**, 167-180.
- PODLIACHOUK L., MADEYSKA A., DESGUINES D., 1966. Étude immunogénétique du cheval Boulonnais. Proc. Xth Conf. Eur. Soc. Blood Grps Biochem. Polymorph. Paris, 333-338.
- QUITTET E., BLANC H., 1974. Races chevalines en France. La Maison rustique, Paris 6.
- SANDBERG K. 1973. The D blood group system of the horse. *Anim. Blood Grps. Biochem. Genet.* **4** 193-205.
- SOKAL R. R. and SNEATH P. H. A. (1963). Principle of numerical taxonomy, Freeman, San-Francisco-London.