

## **CAMPUS VÉTÉRINAIRE DE LYON**

Année 2023 - Thèse n° 143

### **COULEUR DE LA ROBE CHEZ LE CHEVAL HENSON : CORRELATION GENOTYPE- PHENOTYPE ET GESTION DES ACCOUPLEMENTS**

## **THESE**

Présentée à l'Université Claude Bernard Lyon 1  
(Médecine – Pharmacie)

Et soutenue publiquement le 14 décembre 2023  
Pour obtenir le titre de Docteur Vétérinaire

Par

RIVET Adélaïde



## **CAMPUS VÉTÉRINAIRE DE LYON**

Année 2023 - Thèse n° 143

### **COULEUR DE LA ROBE CHEZ LE CHEVAL HENSON : CORRELATION GENOTYPE- PHENOTYPE ET GESTION DES ACCOUPLEMENTS**

## **THESE**

Présentée à l'Université Claude Bernard Lyon 1  
(Médecine – Pharmacie)

Et soutenue publiquement le 14 décembre 2023  
Pour obtenir le titre de Docteur Vétérinaire

Par

RIVET Adélaïde



## Liste des enseignants du Campus Vétérinaire de Lyon (20-03-2023)

Pr	ABITBOL	Marie	Professeur
Dr	ALVES-DE-OLIVEIRA	Laurent	Maître de conférences
Pr	ARCANGIOLI	Marie-Anne	Professeur
Dr	AYRAL	Florence	Maître de conférences
Pr	BECKER	Claire	Professeur
Dr	BELLUCO	Sara	Maître de conférences
Dr	BENAMOU-SMITH	Agnès	Maître de conférences
Pr	BENOIT	Etienne	Professeur
Pr	BERNY	Philippe	Professeur
Pr	BONNET-GARIN	Jeanne-Marie	Professeur
Dr	BOURGOIN	Gilles	Maître de conférences
Dr	BRUTO	Maxime	Maître de conférences
Dr	BRUYERE	Pierre	Maître de conférences
Pr	BUFF	Samuel	Professeur
Pr	BURONFOSSE	Thierry	Professeur
Dr	CACHON	Thibaut	Maître de conférences
Pr	CADORÉ	Jean-Luc	Professeur
Pr	CALLAIT-CARDINAL	Marie-Pierre	Professeur
Pr	CHABANNE	Luc	Professeur
Pr	CHALVET-MONFRAY	Karine	Professeur
Dr	CHANOIT	Gillaume	Professeur
Dr	CHETOT	Thomas	Maître de conférences
Pr	DE BOYER DES ROCHES	Alice	Professeur
Pr	DELIGNETTE-MULLER	Marie-Laure	Professeur
Pr	DJELOUADJI	Zorée	Professeur
Dr	ESCRIOU	Catherine	Maître de conférences
Dr	FRIKHA	Mohamed-Ridha	Maître de conférences
Dr	GALIA	Wessam	Maître de conférences
Pr	GILOT-FROMONT	Emmanuelle	Professeur
Dr	GONTHIER	Alain	Maître de conférences
Dr	GREZEL	Delphine	Maître de conférences
Dr	HUGONNARD	Marine	Maître de conférences
Dr	JOSSON-SCHRAMME	Anne	Chargé d'enseignement contractuel
Pr	JUNOT	Stéphane	Professeur
Pr	KODJO	Angeli	Professeur
Dr	KRAFFT	Emilie	Maître de conférences
Dr	LAABERKI	Maria-Halima	Maître de conférences
Dr	LAMBERT	Véronique	Maître de conférences
Pr	LE GRAND	Dominique	Professeur
Pr	LEBLOND	Agnès	Professeur
Dr	LEDOUX	Dorothée	Maître de conférences
Dr	LEFEBVRE	Sébastien	Maître de conférences
Dr	LEFRANC-POHL	Anne-Cécile	Maître de conférences
Dr	LEGROS	Vincent	Maître de conférences
Pr	LEPAGE	Olivier	Professeur
Pr	LOUZIER	Vanessa	Professeur
Dr	LURIER	Thibaut	Maître de conférences
Dr	MAGNIN	Mathieu	Maître de conférences
Pr	MARCHAL	Thierry	Professeur
Dr	MOSCA	Marion	Maître de conférences
Pr	MOUNIER	Luc	Professeur
Dr	PEROZ	Carole	Maître de conférences
Pr	PIN	Didier	Professeur
Pr	PONCE	Frédérique	Professeur
Pr	PORTIER	Karine	Professeur
Pr	POUZOT-NEVORET	Céline	Professeur
Pr	PROUILLAC	Caroline	Professeur
Pr	REMY	Denise	Professeur
Dr	RENE MARTELLET	Magalie	Maître de conférences
Pr	ROGER	Thierry	Professeur
Dr	SAWAYA	Serge	Maître de conférences
Pr	SCHRAMME	Michael	Professeur
Pr	SERGENTET	Delphine	Professeur
Dr	TORTEREAU	Antonin	Maître de conférences
Dr	VICTONI	Tatiana	Maître de conférences
Dr	VIRIEUX-WATRELOT	Dorothée	Chargé d'enseignement contractuel
Pr	ZENNER	Lionel	Professeur



# REMERCIEMENTS

**A Monsieur le Professeur Alain Calender,**

*De l'université Claude Bernard Lyon 1, Faculté de médecine de Lyon,*

Pour m'avoir fait l'honneur d'accepter la présidence du jury de ma thèse,

Mes hommages respectueux.

**A Madame la Professeure Marie Abitbol,**

*De VetAgro Sup, campus vétérinaire de Lyon,*

Pour vos conseils avisés, votre aide et votre patience tout au long de ce travail,

Pour votre participation au financement des analyses génétiques,

Mes chaleureux remerciements.

**A Madame la Professeure Karine Chalvet-Monfray,**

*De VetAgro Sup, campus vétérinaire de Lyon,*

Pour m'avoir fait l'honneur de prendre part au jury de ma thèse,

Mes sincères remerciements.





# TABLE DES MATIERES

Table des annexes .....	11
Table des figures.....	13
Table des tableaux.....	15
Liste des abréviations .....	17
Introduction.....	19
Partie bibliographique.....	21
I.    Le cheval Henson : histoire de la race et situation actuelle .....	23
1)    Histoire du cheval Henson et de l'Association du Cheval Henson .....	23
A-    Histoire de la race.....	23
B-    Rôles de l'ACH.....	23
2)    Stud-book et standard de la race .....	23
A-    Henson et facteurs de Henson .....	23
B-    Standard de la race.....	24
C-    Approbation des reproducteurs .....	24
a)    Approbation des étalons .....	24
b)    Confirmation des juments .....	25
3)    Etats des lieux de la population actuelle.....	25
A-    Composition de la race.....	25
B-    Ancêtres majeurs.....	26
C-    Répartition de la population.....	28
D-    Gestion de la reproduction.....	28
E-    Coefficient de consanguinité.....	30
II.    Problématiques génétiques intervenant chez le Henson .....	31
1)    Biologie des mélanocytes et génétique de la couleur.....	31
A-    Structure de la peau .....	31
B-    Biologie des mélanocytes .....	34
C-    Synthèse des pigments.....	35
D-    Génétique de la couleur .....	36
a)    Rappels sur les robes de base.....	36
b)    Déterminisme génétique du dun.....	38
2)    Parenté et consanguinité .....	44
Deuxième partie : Etude expérimentale .....	47
I.    Contexte et but de l'étude .....	49
II.   Matériel et méthodes.....	51

1)	Animaux.....	51
A-	Chevaux de l'étude génotypique et phénotypique .....	51
B-	Méthode de recrutement et critères d'inclusion .....	51
C-	Chevaux inclus dans le plan d'accouplement.....	51
D-	Information des propriétaires et éthique.....	51
2)	Méthode de prélèvement et d'analyse des échantillons .....	51
A-	Prélèvement des crins .....	51
B-	Photographies des chevaux.....	52
C-	Génotypage des chevaux.....	52
3)	Plan d'accouplement rotatif.....	52
A-	Principe.....	52
B-	Règles d'élaboration.....	53
C-	Données fournies par l'IFCE.....	53
D-	Apport du module optiSel dans l'élaboration des familles .....	54
III.	Résultats .....	55
1)	Etude génotypique et phénotypique .....	55
A-	Répartition des différentes couleurs de robe dans la population testée .....	55
B-	Répartition des différents allèles dans la population testée.....	56
C-	Incohérences entre phénotype déclaré et couleur génétique.....	57
D-	Cas des étalons reproducteurs actifs .....	57
E-	Évolution dans le temps .....	58
F-	Nuances liées au locus Dun .....	58
G-	Corrélation génotype-phénotype.....	60
2)	Proposition d'un plan d'accouplement .....	61
A-	Répartition des étalons .....	61
B-	Répartition des juments .....	61
C-	Construction des cercles.....	62
D-	Rotation des cercles .....	63
E-	Mise à jour des familles et règles de renouvellement .....	63
IV.	Discussion .....	65
1)	Etude génotypique et phénotypique .....	65
A-	Biais de l'étude .....	65
a)	Nombre d'individus et recrutement .....	65
b)	Détermination de la couleur de la robe.....	65
c)	Génotypage .....	65
B-	Des efforts de sélection payants, à poursuivre .....	65

C-	Influence du génotype au locus Dun sur l'intensité de la dilution et des marques primitives .....	66
D-	Incohérences entre robe déclarée, robe observée et robe génétique .....	66
2)	Proposition d'un plan d'accouplement .....	67
A-	Un plan favorisant la diversité génétique.....	67
a)	Lutte contre la consanguinité .....	67
b)	Brassage génétique.....	67
B-	Un plan basé sur la mise à jour régulière de la population reproductrice .....	67
a)	Gestion des familles d'étalons .....	67
b)	Calculs des coefficients de parenté .....	68
c)	Nécessité d'un génotypage systématique .....	68
C-	Limites du plan .....	68
a)	Une aide mais aussi un défi pour les éleveurs de chevaux Henson .....	68
b)	Possibilités de rencontres .....	68
c)	Comparaison avec les plans mis en place dans d'autres espèces, d'autres races .....	69
	Conclusion .....	71
	Bibliographie.....	73



# TABLE DES ANNEXES

Annexe 1 : Règlement du Stud-book du cheval Henson (version mise à jour de 2019).....	75
Annexe 2 : Premier Plan Régional Filière Équine 2019-2022.....	85
Annexe 3 : Protocole de prélèvements de crins du laboratoire Labéo.....	87
Annexe 4 : Résultats de génotypage des soixante-six chevaux testés, classés par date de naissance.....	89



# TABLE DES FIGURES

Figure 1 Exemple de composition raciale d'un cheval Henson de troisième génération .....	26
Figure 2 Emplacement des quatre principaux élevages de Henson en France métropolitaine.....	28
Figure 3 Evolution du nombre de naissance entre 1979 et 2022 .....	29
Figure 4 Nombre de poulains par étalon pour les saisons de monte 2021 et 2022 .....	29
Figure 5 Coefficient de consanguinité moyen des poulains par an entre 2000 et 2021.....	30
Figure 6 Structure de la peau .....	31
Figure 7 Structure et population cellulaire de l'épiderme .....	32
Figure 8 Organisation d'un follicule pileux.....	33
Figure 9 Structure d'un poil.....	33
Figure 10 Cycle pileux .....	34
Figure 11 Position et structure d'un mélanocyte dans un follicule pileux.....	34
Figure 12 Voies de synthèse de l'eumélanine et de la phéomélanine .....	36
Figure 13 Robes de base chez les chevaux et poneys .....	36
Figure 14 Régulation de la production de pigments .....	37
Figure 15 Détermination de la robe de base.....	38
Figure 16 Marques primitives de la robe dun .....	39
Figure 17 Variants structuraux à l'origine des différents allèles du gène TBX3 et phénotypes associés.....	40
Figure 18 Comparaison du phénotype d'un cheval bai dun et d'un cheval bai non-dun avec marques primitives.....	41
Figure 19 Robes diluées par l'allèle Dun.....	42
Figure 20 Observation microscopique de coupes transversales de poils et phénotypes associés .....	43
Figure 21 Profils d'expression des gènes TBX3 et KITLG et répartition des pigments dans les tiges pilaires chez des chevaux dun et non-dun .....	44
Figure 22 Répartition des individus reproducteurs en familles .....	52
Figure 23 Répartition des familles de reproduction sur deux cercles concentriques dans le cadre d'un schéma rotatif.....	53
Figure 24 Répartition des différentes couleurs de robe dans la population de chevaux étudiés.....	55
Figure 25 Distribution des différents allèles pour les locus Dun, Extension et Agouti dans la population de chevaux étudiée .....	56
Figure 26 Diagramme de conformité entre les données génétiques et la robe déclarée à l'IFCE .....	57
Figure 27 Evolution du taux de poulains non bai-dun nés entre 2009 et 2019 .....	58
Figure 28 Comparaison des phénotypes de trois chevaux Henson bai dun .....	59
Figure 29 Comparaison des phénotypes de trois chevaux bais avec ou sans marques primitives.....	59
Figure 30 Schéma rotatif proposé pour le plan d'accouplement.....	63





# TABLE DES TABLEAUX

Tableau I Caractéristiques du cheval Henson d'après l'annexe I du Stud-book de la race .....	24
Tableau II Critères de labellisation des étalons Henson approuvés.....	25
Tableau III Répartition des différents génotypes pour les locus Extension, Agouti et Dun chez les 66 chevaux de l'étude.....	56
Tableau IV Individus présentant une incohérence entre la robe génétique et la robe observée. ....	60
Tableau V Répartition des individus reproducteurs Henson en six familles de reproduction .....	61



# LISTE DES ABREVIATIONS

A: Adénine

A: *Agouti*

ACH : Association du Cheval Henson

ADN : Acide désoxyribonucléique

ASIP : *Agouti Signaling Protein*

C : Cytosine

D : *Dun*

E : *Extension*

IFCE : Institut français du cheval et de l'équitation

INRA : Institut national de la recherche agronomique

G: Guanine

Kb: Kilobase

MCR1: *Melanocortin 1 receptor*

MSH: *Melanocyte stimulating hormone*

nd1: non-dun 1

nd2: non-dun 2

optiSel : *Optimum Contribution Selection and Population Genetics*

SCF: *Stem cell factor*

SFET : Société française des équidés de travail

SIRE : Système d'information relatif aux équidés

SNP: *Single Nucleotid Polymorphism*

T: Thiamine

TBX3 : *T-box transcription factor 3*



# INTRODUCTION

*« Dieu, contemplant la BAIE DE SOMME à demi enfouie sous les flots et battue par les vents violents, se dit : « si ces éléments déchaînés doivent venir à bout de cette terre fragile, il doit au moins en subsister l'image. » Ramassant une poignée du sable clair de la baie, Il souffle dessus, créant ainsi une magnifique cavale. Sa robe était dorée comme la grève, sa fierté n'avait d'égale que la fureur des vents fouettant sa crinière noir et or ondulante comme les flots. Satisfait, Dieu laissa courir un doigt contemplatif sur l'échine de la bête qui fût, alors, marquée d'une longue raie noire, signe de l'imprimeur divin. Ainsi naquit le HENSON. » (Association du cheval Henson, <http://www.anr-cheval-henson.fr/>).*

C'est ainsi que fut retranscrite la légende de la création du cheval Henson par Mr Berquin, président actuel de l'Association du Cheval Henson. Cette jeune race créée dans les années 1970 par un regroupement d'éleveurs passionnés occupe aujourd'hui une place de choix dans la baie de Somme en tant que cheval polyvalent et sûr, capable de performances sportives remarquables. Il est reconnaissable, entre autres, à sa robe « bai dun » semblable à celle des chevaux primitifs qui fait sa particularité. Le cheval Henson est encore aujourd'hui une race à petit effectif confrontée aux problématiques de conservation du standard, de manque de reproducteurs actifs et à la nécessité de conserver une variabilité génétique suffisante pour que la race perdure dans le temps.

Dans la première partie bibliographique de ce manuscrit, nous avons rappelé l'histoire du cheval Henson, sa situation actuelle ainsi que les problématiques génétiques qui se présentent aux éleveurs aujourd'hui, à savoir les mécanismes de génétique qui gouvernent la couleur, en particulier le bai dun qui est le standard de la race, et les problématiques liées à la consanguinité grandissante dans une population à petit effectif.

Dans la seconde partie du manuscrit, consacrée à notre travail personnel, nous avons tout d'abord étudié les différents allèles, pour trois locus de la couleur de la robe, présents dans la population Henson actuelle et leur corrélation avec les phénotypes de robe observés chez les chevaux. Puis, nous avons proposé une méthode aux éleveurs, sous la forme d'un plan d'accouplement élaboré à l'aide du module optiSel du logiciel R, pour le choix de leurs futurs reproducteurs et de leurs futurs croisements, afin de préserver le standard de la race tout en conservant un niveau de consanguinité raisonnable dans la population de chevaux Henson.



## PARTIE BIBLIOGRAPHIQUE





# I. Le cheval Henson : histoire de la race et situation actuelle

## 1) Histoire du cheval Henson et de l'Association du Cheval Henson

### A- Histoire de la race

Le cheval Henson est né dans les années 1970 au cœur de la baie de Somme, à l'initiative de Monsieur Bernard Bizet. Celui-ci souhaitait obtenir un cheval de loisir, polyvalent et sûr ainsi qu'une race rustique pouvant vivre toute l'année à l'extérieur.

Les premiers croisements entre des étalons Fjord et des juments de selle (Pur-sang, Anglo-arabe, Selle français, Trotteur français, Pure race espagnole, Quarter horse) ont permis de créer une première génération (génération F1) de « croisés Fjord ».

En 1982, l'association des Cavaliers de la baie de Somme créée grâce à l'implication de Messieurs Marc et Lionel Berquin a permis de rassembler ces individus de première génération et l'Association du Cheval Henson (ACH) est née l'année suivante.

Depuis 1973, la population des chevaux F1 « croisés Fjord », puis Henson, s'est développée. Les individus de première génération F1 étaient inscrits au livret A du stud-book. Celui-ci a été fermé en 1995 car la diversité génétique accumulée a été jugée suffisante, l'objectif était alors de ne produire que des individus de deuxième génération (génération F2). Les premiers chevaux enregistrés comme Henson étaient des F2, issus de croisements entre individus F1 (de première génération).

Le cheval Henson a été officiellement reconnu comme la 44<sup>ème</sup> race équine française en 2003.

### B- Rôles de l'ACH

L'ACH a été définie comme un regroupement de propriétaires et d'éleveurs de Henson qui a été inclus à la Société Française des Equidés de Travail (SFET). Elle est toujours, à ce jour, l'organisme officiel de sélection de la race (Association Cheval Henson).

Ses missions comprennent la production, la sélection et l'élevage de chevaux Henson ainsi que l'accompagnement des éleveurs dans leurs différentes démarches. Elle joue aussi un rôle de représentation de la race au sein de divers organismes (SFET, IFCE, ministères de l'Agriculture) et dans les concours d'élevages ou autres manifestations.

## 2) Stud-book et standard de la race

### A- Henson et facteurs de Henson

Le stud-book du cheval Henson a été créé en 1982 afin de rassembler les individus de première génération puis depuis 1995, les individus de deuxième génération. Il a fixé le standard de la race ainsi que les conditions d'inscription.

Bien que le livret A ait été clos en 1995, le stud-book actuel comprend toujours deux sections distinctes : les chevaux Henson et les chevaux « facteur de Henson ». Un cheval Henson est actuellement inscrit au stud-book soit au titre de l'ascendance, soit à titre initial (Règlement du stud-book du cheval Henson, 2019 ; voir Annexe 1 pour les détails).

Un individu reconnu facteur de Henson a été défini comme un individu :

- inscrit au registre du poney ou du cheval de selle ou être « d'Origine constatée », « Selle étranger » ou « Origine étrangère » ;
- issu du croisement entre Fjord et les races faisant partie de la liste approuvée : Pur-sang, Anglo-arabe, Selle français, Trotteur français, Pure race espagnole, Lusitanien, Quarter horse ;
- qui possède entre 25 et 50 % de sang Fjord ;
- issus de parents isabelle ou bai ;
- lui-même isabelle ou bai avec une raie de mulot et sans marque blanche autres qu'acquises ;
- qui a été testés génétiquement pour les locus *Extension* et *Agouti* et être non porteurs de l'allèle *e* du locus *Extension* (Règlement du stud-book du cheval Henson, 2019 ; Annexe 1).

Les individus reconnus comme Henson doivent satisfaire au standard de la race (Annexe 1).

## B- Standard de la race

Le standard de la race était décrit dans l'annexe I du stud-book du cheval Henson. Il a été reproduit ci-dessous (Tableau I).

Tableau I Caractéristiques du cheval Henson d'après l'annexe I du Stud-book de la race

CRITÈRES	CARACTÉRISTIQUES
TAILLE	La taille se situe entre 1,50 m et 1,60 m
ROBE	Sa robe isabelle, généralement constituée de poils beiges, est plus ou moins foncée, allant du sable au marron. La raie de mulot est obligatoire et certains sujets ont des zébrures aux membres.
CRINS	Ses crins sont bicolores, noirs et or.
TÊTE	Belle tête de taille moyenne, chanfrein droit ou concave, ganaches marquées.
OREILLES	Assez courtes et bien dessinées, plus sombre aux extrémités.
YEUX	Vifs, expression douce. Cernés de noir.
ENCOLURE	De longueur moyenne, bien orientée. Forte base.
POITRAIL	Bien ouvert.
ÉPAULE	Longue, assez inclinée.
DOS	Large et bien soutenu.
MEMBRES	Courts jointés
PIEDS	Larges sans corne blanche
ALLURES	Allures étendues avec un fort engagement des postérieurs

(d'après Règlement du stud-book du cheval Henson, 2019)

## C- Approbation des reproducteurs

A ce jour, pour pouvoir produire dans le stud-book du cheval Henson, les étalons et les juments doivent passer devant la commission d'approbation et de confirmation qui est composée de 3 représentants de l'association du cheval Henson et d'un représentant de l'IFCE (Annexe 1).

Le règlement spécifie que seuls les produits issus d'un accouplement en monte libre ou en monte en main peuvent être inscrits au stud-book de la race. L'insémination artificielle, le transfert d'embryon ou le clonage sont interdits.

### a) Approbation des étalons

Dans le règlement actuel, les étalons Henson ou facteurs de Henson peuvent obtenir une approbation provisoire à partir de l'âge de trois ans et une approbation pour huit saisons de monte à partir de l'âge de cinq ans.

Les candidats doivent présenter un résultat génétique concernant les locus *Extension* et *Agouti*, ne pas être porteur de l'allèle *e* et avoir fait l'objet d'un dépistage annuel concernant l'artérite virale.

Ils sont également toisés, examinés au modèle et passent trois tests de comportement destinés à évaluer leur caractère.

L'obtention d'une attestation pour huit saisons de monte est conditionnée par la réalisation de deux tests d'aptitudes : parcours en terrain varié monté ou attelé et qualification sur une course d'endurance FFE.

Par ailleurs, le nombre de saillies par étalon a été fixé par le stud-book : pas plus de 10 juments par an pour les étalons de trois, quatre ou cinq ans et pas plus de 50 juments pour les étalons de plus de six ans.

Les étalons approuvés définitivement sont ensuite labellisés et peuvent recevoir des distinctions (Tableau II).

Tableau II Critères de labellisation des étalons Henson approuvés

Comportement	Modèles et allures	PTV/Endurance	Label
Mini 66%	Mini 80%	Mini 66% et qualifié	Approuvé « Excellence Modèle »
Mini 80%	Mini 66%	Mini 66% et qualifié	Approuvé « Excellence Comportement »
Mini 66%	Mini 66%	Mini 80% et qualifié	Approuvé « Excellence Extérieur »

Si un étalon obtient au moins deux scores supérieurs à 80% parmi les trois types de tests, il est classé comme « Elite » (d'après Règlement du stud-book du cheval Henson, 2019 ; annexe 1).

#### b) Confirmation des juments

Les juments Henson doivent être confirmées pour produire au sein du stud-book : les critères sont actuellement d'être de robe isabelle ou baie avec une raie de mulet, mesurer entre 1,50 et 1,60 m au garrot, de transmettre un résultat concernant les locus *Extension* et *Agouti*.

### 3) Etats des lieux de la population actuelle

#### A- Composition de la race

La population de chevaux Henson actuelle comporte des individus de diverses générations. La composition raciale d'un individu peut fortement varier selon sa génération. La figure 1 présente un exemple de composition raciale d'un individu Henson de troisième génération.

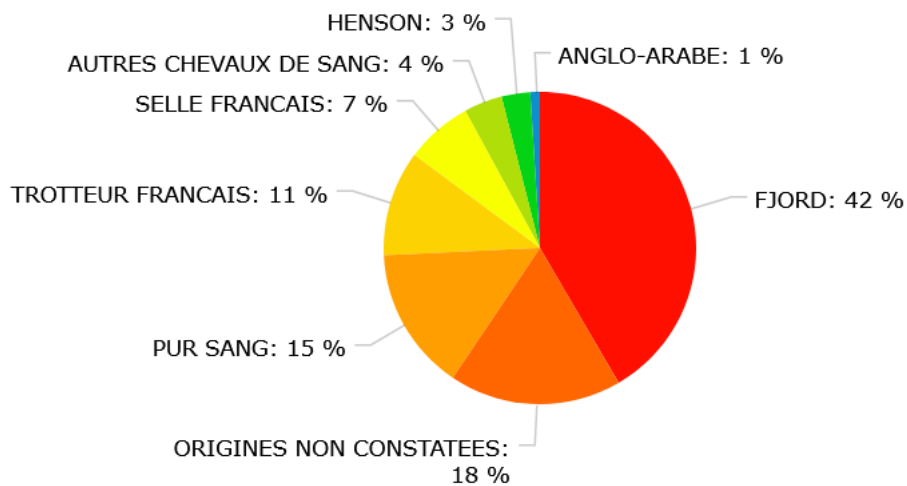


Figure 1 Exemple de composition raciale d'un cheval Henson de troisième génération  
D'après les données de l'IFCE ([www.ifce.fr](http://www.ifce.fr)).

## B- Ancêtres majeurs

Le Henson étant une race jeune, la race compte à ce jour vingt ancêtres majeurs dont certains tels que Rubis d'Étalondes, Kavka des Cros ou Quew de Henson, étaient encore des reproducteurs actifs au moment de l'écriture de ce manuscrit. Les ancêtres majeurs sont les individus dont provient une large proportion des allèles retrouvés dans la population actuelle (Tableau III).

Tableau III Ancêtres majeurs de la race Henson

Nom	Race	Sexe	Année de naissance	% de la population Henson
NORACK DE HENSON Par GOGOL FJ et BARAKA V NC par FEU DU DIABLE PS	HEN	M	1979	10.3%
MOWGLI Par LUDVIG (NL) FJ et NELIA (NL) FJ par JENS FJ	FJ	M	1978	9.9%
CYLLVERADO D'INKEENT Par TIC HEN et GAZALA CS par VAGABOND SFA	HEN	M	1990	7.9%
JEWEL DES CROCS Par AGANDALF DE HENSONHEN et ULYSSA D'ONEUX HEN par MOWGLI FJ	HEN	M	1997	5.6%
RUBIS D'ETALONDES Par DEVIN (NL) FJ et DRAGEE D'ETALONDES SFA par OBUOEANT SFA	OC	M	2005	5.3%
NASH DE MORLAY Par O'YPSIS DE MORLAY CS et GALLIA DE MORLAY PO par VLADISLAS FJ	HEN	M	2001	5.3%
KAVKA DES CROS Par ESGARD (NL) FJ et FINE MAGNET (US) PS par FORLI (AR) PS	HEN	M	1998	4.9%
QUEW DE HENSON Par URUS DU SEHU HEN et ALBA DE HENSONHEN par NORACK DE HENSONHEN	HEN	M	2004	4.8%
FARIHA Par VLADISLAS FJ et QUESTEUSE III SFB par GUILLAUME TELL SFA	HEN	F	1993	4.3%
FIGARO Par ATILLA D'ONEUX PO et TOSKA OI	HEN	M	1993	3.7%
CIRCEE DE MORLAY Par DANSEUR II TF et ZIRKA (DE) FJ par HBINO FJ	HEN	F	1990	3.1%
FLYCKA DU HAMEAU Par COBALT DU HAMEAU FJ et POULINETTE OI	HEN	F	1993	3.0%
KORIANDE DE HENSON Par GOTHICK HEN et GUEISHA DE HENSONHEN par CHADDOCK DE HENSONHEN	HEN	F	1998	2.9%
QUESNOY Par ULLO (NL) FJ et MURIELLE FJ par LARS (DE) FJ	FJ	M	1982	2.8%
DAMY BOY DE MORLAY Par RILLINO DE MORLAY OC et GITANE MAXENTAISE HEN par MOWGLI FJ	HEN	M	2013	1.9%
AGANDALF DE HENSON Par ROBICK DE HENSON PO et TERIAM DE HENSONHEN par NORACK DE HENSONHEN	HEN	M	1988	1.7%
ULYSSE DE LA FORGE Par OKEY DE HENSONHEN et MINOH DE LA FORGEHEN par NORACK DE HENSONHEN	HEN	M	2008	1.5%
CASTILLE DE MORLAY Par RAGNAR II FJ et PRELE III PO par GOGOL FJ	PO	F	1990	1.4%
QUANDIE	RI	F		1.3%
GANADORA Par BOUBOUL FJ et QUESTEUSE III SFB par GUILLAUME TELL SFA	HEN	F	1994	1.2%

D'après les données de l'IFCE( [www.ifce.fr](http://www.ifce.fr))

Légende : HEN : Henson, FJ : Fjord, OC : Origines constatées, OI : Origines inconnues, PO : Poney, CS : Cheval de selle, PS : Pur-sang ; F : Selle français M : mâle, F : femelle, M : mâle, H : hongre  
Le pourcentage de la population Henson représente la part de la population de Henson actuelle à laquelle a contribué l'individu par ascendance.

### C- Répartition de la population

Le berceau de la race Henson a été défini dans la baie de Somme, où se trouve encore aujourd'hui la majorité de la population de chevaux Henson, répartie dans trois des quatre principaux élevages. Le dernier élevage répertorié au moment de l'écriture de ce manuscrit était situé en Savoie (Figure 2).

En octobre 2023, la population des Henson en France comptait environ 1200 individus.



Figure 2 Emplacement des quatre principaux élevages de Henson en France métropolitaine (Source image : <https://www.interieur.gouv.fr/>).

### D- Gestion de la reproduction

Actuellement, la reproduction se fait quasi exclusivement en monte naturelle, l'étalon étant mis en pâture pendant plusieurs mois avec un cheptel de juments sélectionnées. Le nombre de naissances de poulains par an, depuis l'origine de la race, n'a fait que croître au fil des années avant de se stabiliser au milieu des années 2010 (Figure 3).

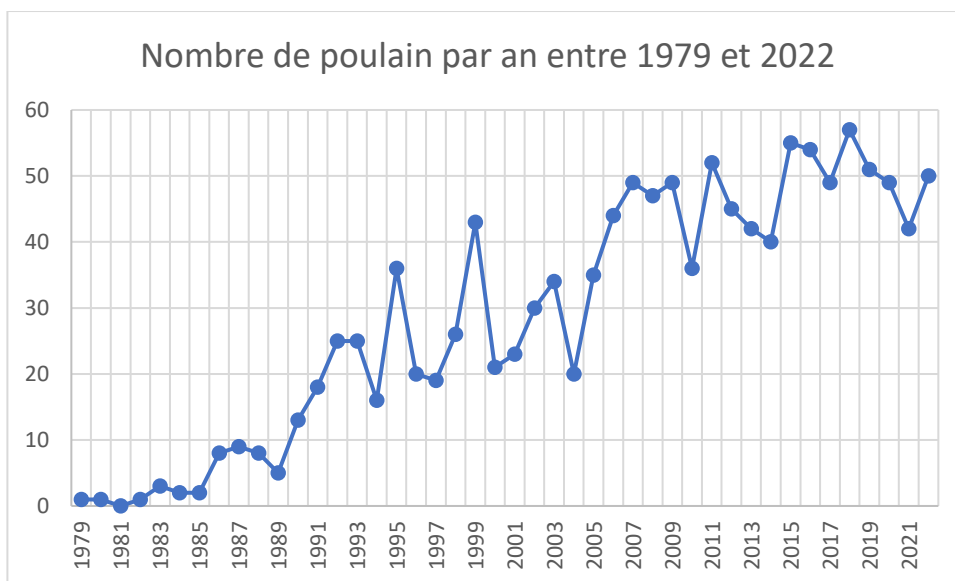


Figure 3 Evolution du nombre de naissance entre 1979 et 2022

Le livret A du stud-book a été fermé en 1995. Depuis les poulains comptabilisés dans ce graphique sont uniquement des Henson de deuxième génération inscrit au stud-book à titre de l'ascendance. Depuis 2015, le nombre de naissance a tendance à se stabiliser autour d'une cinquantaine de poulains par an. (d'après données base SIRE, 2023)

Pour les saisons de monte 2022 et 2023, on comptait respectivement quatorze puis treize étalons Henson approuvés et mis à la reproduction. En fonction des années, le nombre de poulains par étalon pouvait être plus ou moins homogène, bien que certains étalons aient semblés sur-représentés par-rapport aux autres (Figure 4).

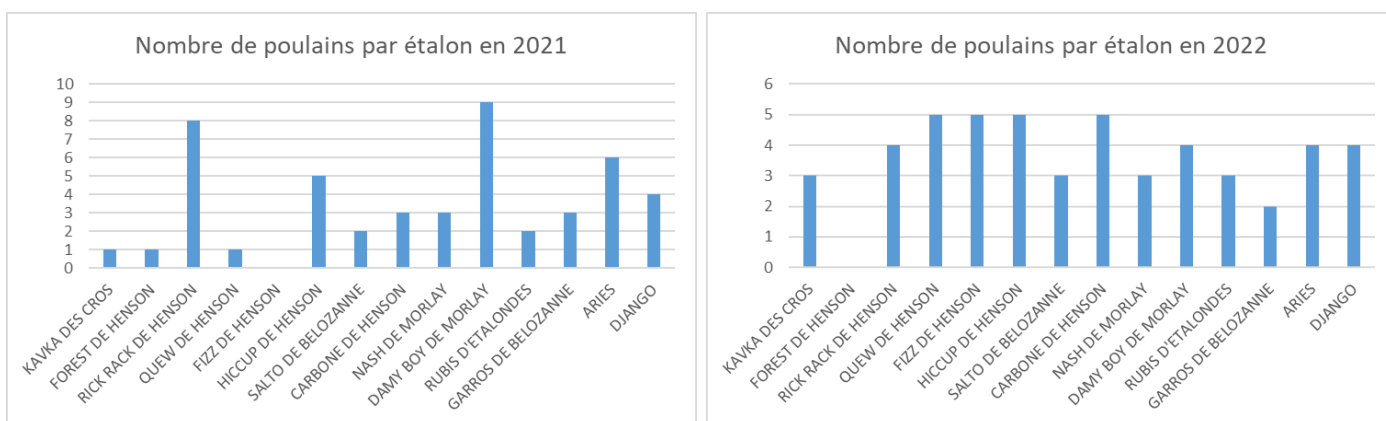


Figure 4 Nombre de poulains par étalon pour les saisons de monte 2021 et 2022  
D'après données SIRE (www.ifce.fr)

Nous avons pu expliquer cette production inégale, entre autres par la répartition des étalons dans les élevages. En effet, les étalons appartenant à l'association du cheval Henson étaient susceptibles de rencontrer un plus grand nombre de juments sur le domaine du Marquenterre, berceau de la race (Association du cheval Henson, <http://www.anr-cheval-henson.fr/>).

## E- Coefficient de consanguinité

Malgré le faible nombre d'étalons reproducteurs, les éleveurs de chevaux Henson ont réussi à stabiliser le coefficient de consanguinité moyen des poulains entre 2,5 et 3 depuis les années 2000 (Figure 5).

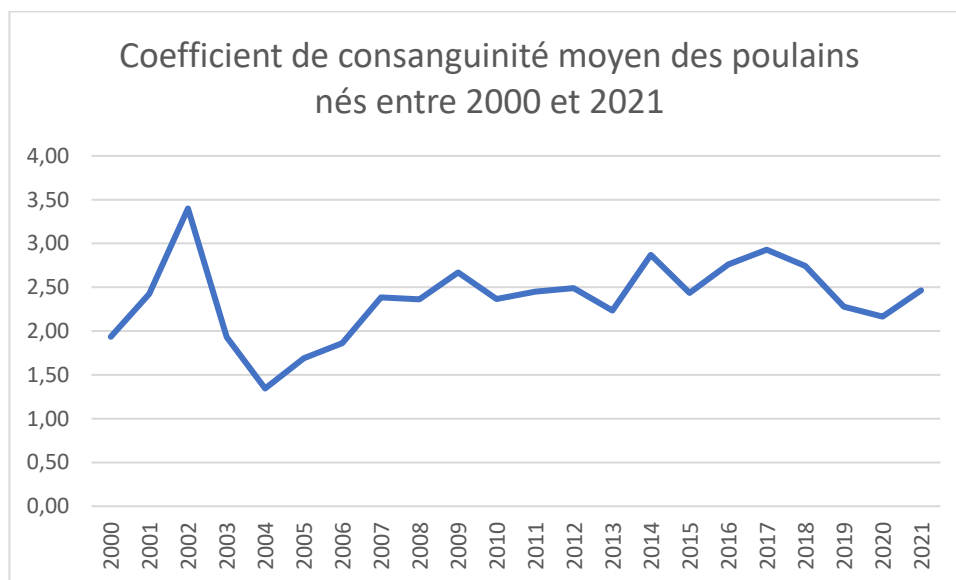


Figure 5 Coefficient de consanguinité moyen des poulains par an entre 2000 et 2021  
D'après données SIRE ([www.ifce.fr](http://www.ifce.fr)).

Toutefois, un renouvellement des reproducteurs s'est avéré nécessaire, afin d'éviter une augmentation soudaine de la consanguinité moyenne dans la population de Henson.



## II. Problématiques génétiques intervenant chez le Henson

Afin de comprendre les particularités génétiques liées au phénotype dun et les différentes nuances associées aux divers génotypes possibles, il est essentiel de comprendre les différents acteurs et mécanismes impliqués dans la pigmentation des poils chez les mammifères dont le cheval.

### 1) Biologie des mélanocytes et génétique de la couleur

#### A- Structure de la peau

Il a été prouvé que l'organisation structurelle de la peau des mammifères (Figure 6) lui permettait d'occuper divers rôles. Elle formait notamment une barrière physique entre le milieu extérieur et l'intérieur de l'organisme, intervenait dans les défenses immunitaires et était un organe sensible majeur. Par ailleurs, elle était également le siège de la production d'annexes (Slominski et al., 2005).

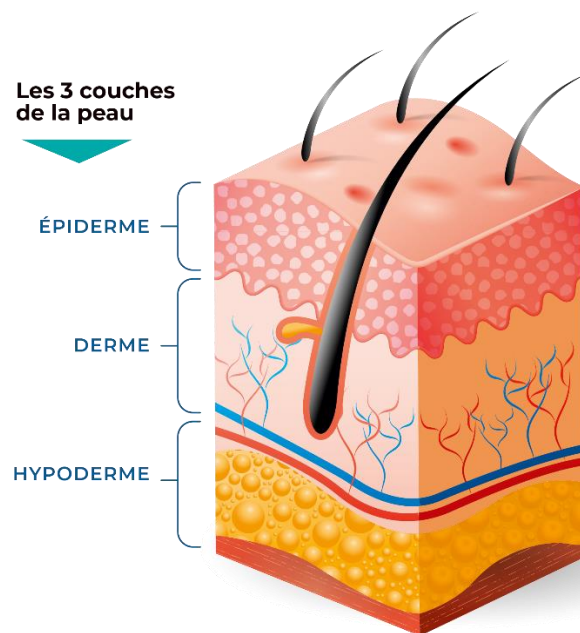


Figure 6 Structure de la peau

Histologiquement, la peau est composée de différentes couches recouvrant le muscle peaucier : l'épiderme étant la couche la plus externe recouvrant le derme puis l'hypoderme (Image : <https://www.labo-lestum.fr/>).

Il a été mis en évidence que l'épiderme était un épithélium pluristratifié kératinisé constitué de quatre couches. Les kératinocytes en étaient la population majeure, ils prenaient naissance dans sa couche la plus interne et allaient progressivement rejoindre la couche la plus externe en se multipliant et en changeant de forme. Au fur et à mesure de leur migration centrifuge, leur composition en kératine sera modifiée.

Parmi la population cellulaire épidermique se retrouvait aussi les mélanocytes, les cellules de Merkel et les cellules de Langerhans. Il a été montré que les cellules de Merkel étaient des mécanorécepteurs utiles à la sensation tactile et les cellules de Langerhans étaient impliquées dans la fonction immunitaire de la peau en tant que cellules présentatrices d'antigène. Les mélanocytes étaient, eux, les cellules de la pigmentation dont le rôle sera détaillé par la suite (Figure 7).

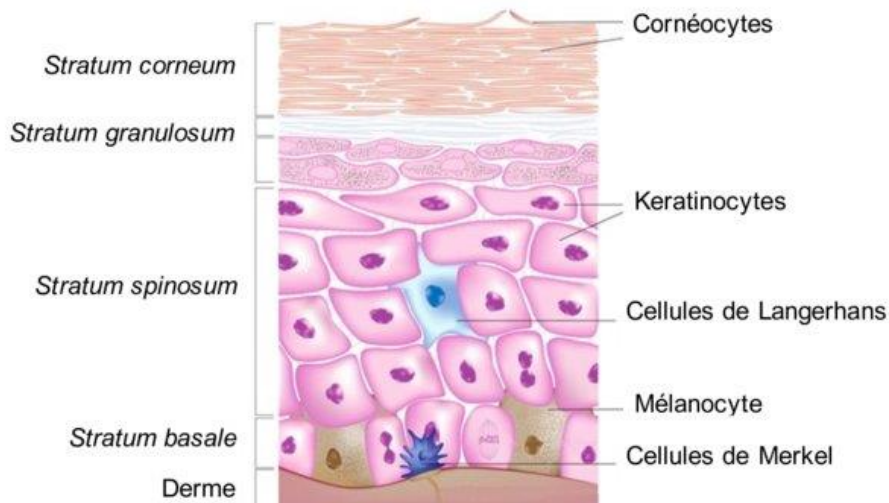


Figure 7 Structure et population cellulaire de l'épiderme

*Stratum corneum* = couche cornée ; *Stratum granulosum* = couche granuleuse ; *Stratum spinosum* = couche épineuse ; *Stratum basale* = couche basale

La couche épidermique la plus interne est la couche basale au sein de laquelle se trouvent les mélanocytes, les cellules de Merkel ainsi que les kératinocytes basaux. La couche suivante est la couche épineuse formée de kératinocytes épineux et de cellules de Langerhans puis la couche granuleuse et ses kératinocytes granuleux. Enfin les kératinocytes rejoignent la couche cornée qui est la plus externe, ils sont alors appelés cornéocytes et vont être éliminés par desquamation

(d'après Twarog, 2017).

Il a été mis en évidence que la structure de la peau comprenait également des annexes, situées principalement dans le derme. Parmi elles les glandes sudoripares productrices de sueur et impliquées dans la thermorégulation, les glandes sébacées productrices de sébum formant un film hydrolipidique à la surface de la peau, ainsi que les follicules pileux à l'origine de la formation des poils.

Un follicule était composé de trois parties (Figure 8) :

- le bulbe pileux qui est la partie la plus profonde s'étendant de la papille dermique à l'insertion du muscle érecteur ;
- l'isthme allant de l'insertion du muscle érecteur jusqu'à l'abouchement de la glande sébacée ;
- l'infundibulum qui va de l'abouchement de la glande sébacée jusqu'à l'ostiole folliculaire d'où sort le poil à la surface de la peau.

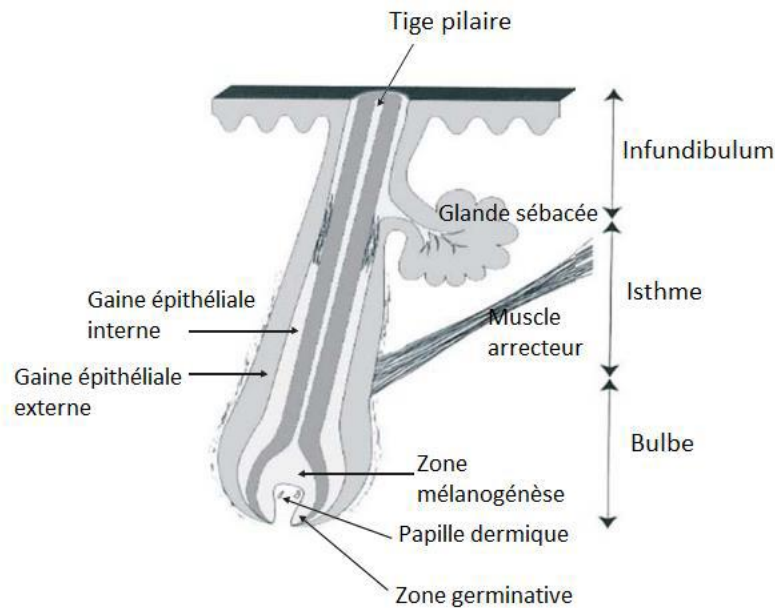


Figure 8 Organisation d'un follicule pileux

Chez les équidés, les follicules pileux sont de type simple et comportent un seul poil associé à des glandes sébacées et des glandes sudoripares.

Deux gaines entourent le poil et permettent de guider sa croissance et de lui donner sa forme : la gaine épithéliale externe et la gaine épithéliale interne

(d'après Sloet van Oldruitenborgh-Oosterbaan and Grinwis, 2016).

Il a été montré que la papille dermique était constituée d'une population de cellules mésenchymateuses situées dans un renforcement du bulbe pileux et jouant un rôle majeur dans la formation du follicule pileux et de la tige pileuse par les kératinocytes (Figure 9).

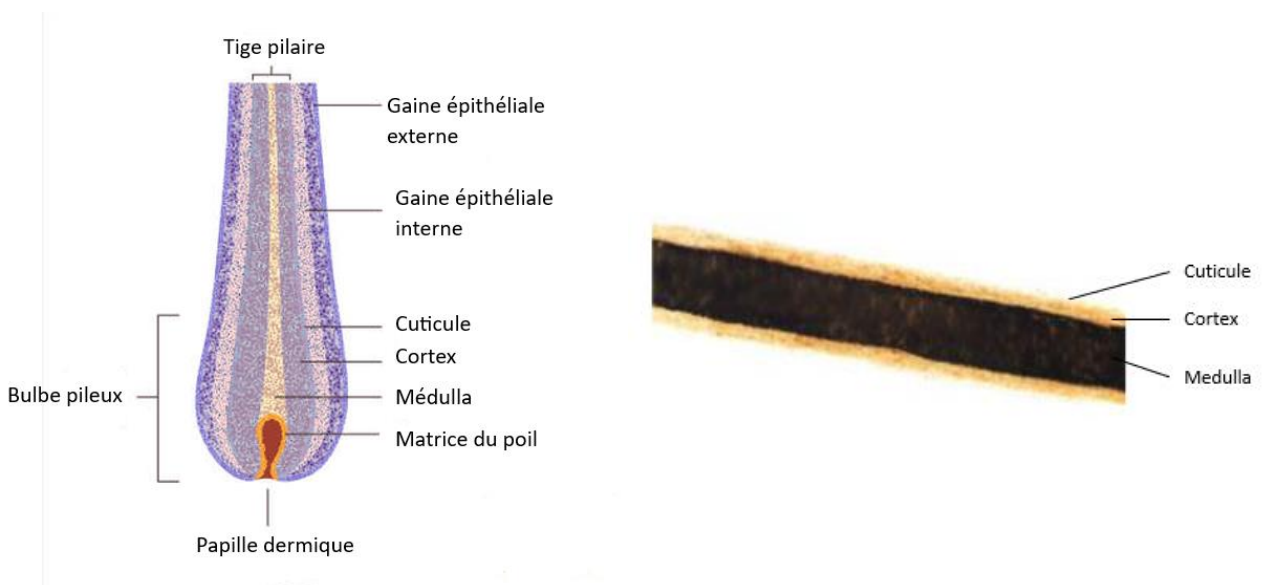


Figure 9 Structure d'un poil

Un poil est composé de trois couches : la cuticule qui est la partie la plus externe, le cortex et la médulla qui contient les pigments

(d'après Deedrick and Koch, 2004).

Enfin il a été mis en évidence que le follicule pileux subissait un cycle constitué de trois phases, permettant le renouvellement des poils (Figure 10).

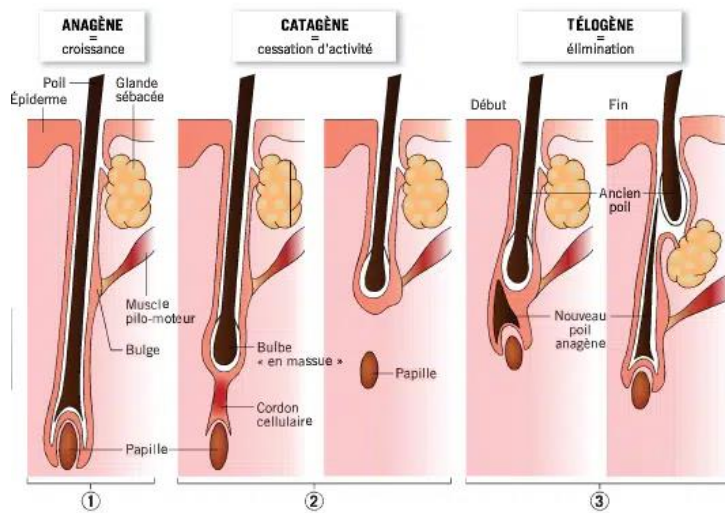


Figure 10 Cycle pileux

Le cycle pileux est composé de trois phases : la phase anagène qui est la phase de croissance du poil, la phase catagène durant laquelle la croissance du poil se ralentit puis s'arrête et la phase télogène correspondant à un arrêt total de la croissance quand le poil tombe

(Image : <https://www.medecine-esthetique-costa.com/>).

## B- Biologie des mélanocytes

Il a été montré que la pigmentation des poils impliquait majoritairement deux types cellulaires : les mélanocytes qui produisent les mélanines et les kératinocytes accumulant ces pigments ; les mélanocytes étant des cellules spécialisées situées notamment dans la peau et à la base des follicules pileux (Figure 11).

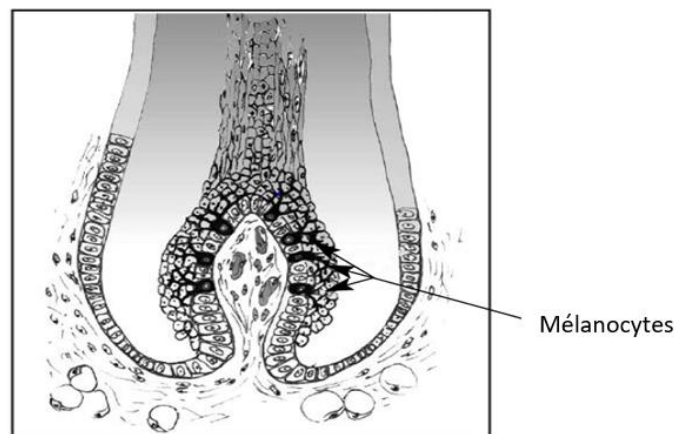


Figure 11 Position et structure d'un mélanocyte dans un follicule pileux

Les mélanocytes matures se caractérisent par de nombreux prolongements cytoplasmiques appelés dendrites et la présence d'organites contenant les pigments appelés mélanosomes. Les mélanocytes se situent majoritairement dans le bulbe pileux, leurs corps à l'apex de la papille dermique et leurs dendrites entre les kératinocytes médullaires et corticaux

(d'après Cichorek et al., 2013).

Il a été mis en évidence que le cycle de vie des mélanocytes débutait par la différenciation de cellules de la crête neurale embryonnaire en mélanoblastes qui allaient ensuite migrer et proliférer. Ces cellules immatures se différenciaient en mélanocytes matures producteurs de mélanine adoptant une structure dendritique. Les granules pigmentaires étaient ensuite transférés aux kératinocytes voisins, le cycle se terminant par la mort cellulaire à la fin du cycle pileux.

La pigmentation des tiges pileuses avait lieu au cours de la phase anagène du cycle pileux, elle s'éteignait au cours de la phase catagène et restait absente au cours de la phase télogène. Elle avait lieu au sein du follicule pileux, l'unité pigmentaire fonctionnelle étant composée de mélanocytes folliculaires, de kératinocytes ainsi que de fibroblastes de la papille dermique. Il fallait compter environ un mélanocyte pour cinq kératinocytes. Ce processus impliquait trois mécanismes successifs : la mélanogenèse, c'est-à-dire la production de mélanine dans les mélanosomes, le transfert centrifuge de granules pigmentaires vers l'extrémité des dendrites puis aux kératinocytes adjacents et enfin la formation d'une tige pileuse pigmentée (Slominski et al., 2005).

Bien que les voies de signalisation cellulaire soient encore en cours d'exploration, il a été prouvé que la mélanogenèse dépendait du microenvironnement cellulaire des mélanocytes et des signaux émis par leurs cellules voisines comme les kératinocytes, les cellules endothéliales et les fibroblastes.

Parmi les gènes impliqués dans la pigmentation des poils se trouvait le gène *KIT ligand (KITLG)* aussi appelé *Stem-Cell Factor (SCF)* codant une cytokine. Celle-ci jouait avec son récepteur tyrosine kinase c-KIT un rôle fondamental dans la survie des mélanocytes et dans le motif de pigmentation des cheveux.

Il a été montré qu'au cours de l'embryogenèse, le signal KITLG/c-KIT était nécessaire à la migration des mélanoblastes. En effet, la cytokine reconnaissait les mélanoblastes immatures exprimant son récepteur c-KIT et venait s'y fixer permettant ainsi leur migration de la crête neurale vers l'épiderme. Lors de la vie post-natale, ce signal restait important pour la prolifération des mélanocytes, ils exprimaient le gène *c-kit* à un niveau maximal en début et milieu de phase anagène, ce qui correspondait à leur moment de prolifération maximale (Yoshida et al., 2001).

### C- Synthèse des pigments

Il a été mis en évidence qu'il existait deux types de mélanine impliqués dans la pigmentation de la peau et des poils : l'eumélanine et la phéomélanine. Ces deux molécules étaient synthétisées dans les mélanocytes à partir de la tyrosine, un acide aminé, transformée en dihydroxyphénylalanine (DOPA) puis en DOPAquinone sous l'action d'une enzyme tyrosinase.

Cette DOPAquinone se cyclisait ensuite de manière spontanée formant ainsi des intermédiaires indoliques (leucodopachrome et dopachrome) pour aboutir à la formation d'eumélanine.

En présence de cystéine, une partie de cette DOPAquinone réagissait avec les ions soufre de la cystéine pour former de la cystéinyldOPA puis des précurseurs benzothiazines menant à la production de phéomélanine (Figure 12 ; Nasti and Timares, 2015).



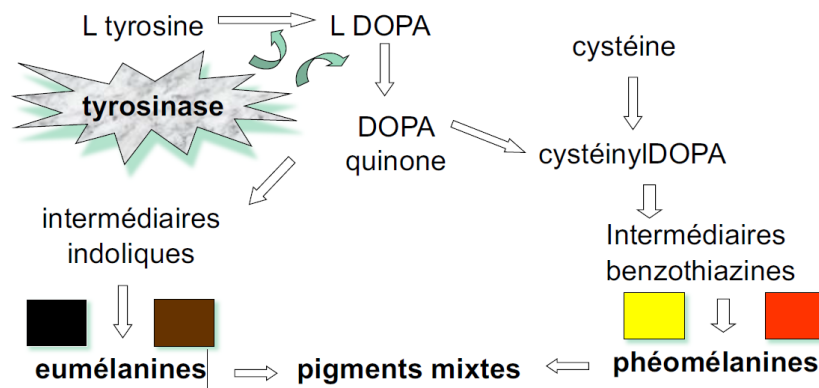


Figure 12 Voies de synthèse de l'eumélanine et de la phéomélanine (D'après Abitbol, 2022)

## D- Génétique de la couleur

### a) Rappels sur les robes de base

Il a été mis en évidence que chez tous les mammifères, y compris les équidés, les deux pigments produits par les mélanocytes étaient à la base de toutes les couleurs de robes : l'eumélanine brun-noir associée aux robes noire et baie et la phéomélanine jaune-rouge retrouvée chez les chevaux alezan et bai. Leur production et leur ratio l'un par rapport à l'autre déterminait la robe de base de l'individu : noir, bai ou alezan (Figure 13).



Figure 13 Robes de base chez les chevaux et poneys

Trois robes de base ont été définies. En haut à gauche : cheval alezan ; en haut à droite : cheval bai, en bas : cheval noir (images : IFCE).

Il a été montré que les mélanocytes étaient capables de produire l'un ou l'autre de ces pigments et que la nature du ou des pigments produits chez un individu dépendait de l'interaction de deux locus : le locus *Extension (E)* codant le récepteur *Melanocortin 1 Receptor (MCR1)* et le locus *Agouti (A)* codant la protéine *Agouti Signaling Protein (ASIP)*.

MCR1, un récepteur présent à la surface des mélanocytes, était activé par la protéine *Melanocyte-Stimulating Hormone (MSH)* produite par l'hypophyse. En cas d'absence de la MSH, le récepteur MCR1 était inactif et le mélanocyte produisait de la phéomélanine. En revanche si le récepteur était activé par la fixation de MSH, la cellule produisait de l'eumélanine. Pour le gène codant le récepteur MCR1, situé au locus *E*, plusieurs allèles ont été identifiés :

- l'allèle sauvage *E* dominant (récepteur MCR1 actif), le mélanocyte produisant de l'eumélanine ou de la phéomélanine en fonction des autres signaux qu'il recevait.
- l'allèle récessif *e* (récepteur MCR1 inactif incapable de répondre au signal hormonal MSH), le mélanocyte ne produisant que de la phéomélanine, les chevaux homozygotes *e/e* étaient alezan (Sponenberg and Bellone, 2017)

Il a été montré que le locus *A* codait la protéine ASIP, un antagoniste de la MSH. Ainsi les zones du corps où la protéine ASIP était exprimée ne peuvent pas répondre au signal hormonal MSH et les mélanocytes produisaient uniquement de la phéomélanine. Dans les zones où la protéine ASIP était absente, les récepteurs MCR1 étaient activés par la MSH et les cellules produisaient de l'eumélanine. Il a été identifié au moins deux allèles associés au locus *A* :

- l'allèle dominant sauvage *A* codait une protéine ASIP active fixant de manière compétitive avec la MSH sur MCR1. Le phénotype associé à la présence d'au moins un allèle *A* était la restriction du noir aux crins et aux extrémités là où la protéine ASIP était absente, les mélanocytes du reste du corps produisaient de la phéomélanine. En général, les chevaux présentent donc des extrémités et des crins plus foncés là où l'eumélanine est présente ;
- l'allèle récessif *a* s'accompagnait d'une protéine ASIP inactive, les mélanocytes produisaient alors uniquement de l'eumélanine et les individus homozygotes *a/a* étaient uniformément noirs (Figure 14 ; Sponenberg and Bellone, 2017).

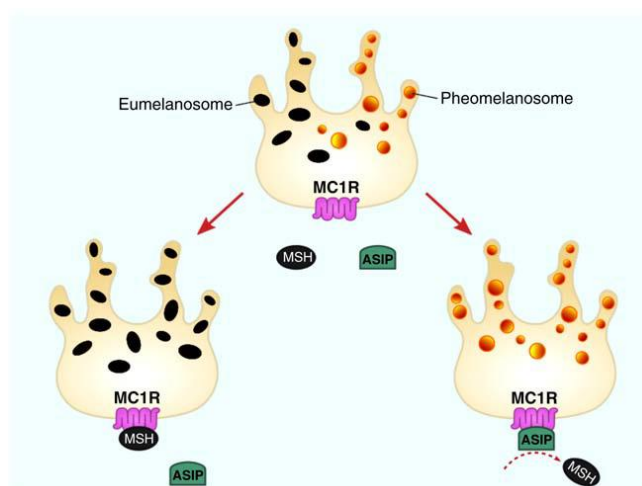


Figure 14 Régulation de la production de pigments

Si le récepteur MCR1 est actif (présente d'au moins une copie de l'allèle *E*), le mélanocyte peut produire de l'eumélanine ou de la phéomélanine en fonction des signaux présents : MSH ou ASIP

Lorsque la protéine MSH est fixée sur le récepteur MCR1 le mélanocyte produit de l'eumélanine. Si le récepteur est bloqué par la protéine ASIP la protéine MSH ne peut pas se fixer, la cellule produit alors de la phéomélanine (d'après (Sponenberg and Bellone, 2017).

Il a été montré qu'en présence de deux copies de l'allèle *e* (cheval *e/e*), tous les récepteurs MCR1 étaient bloqués en position inactive, donc peu importait si la protéine ASIP était présente ou non, les mélanocytes ne produisaient que de la phéomélanine et l'individu était obligatoirement alezan (Figure 15 ; Sponenberg and Bellone, 2017).

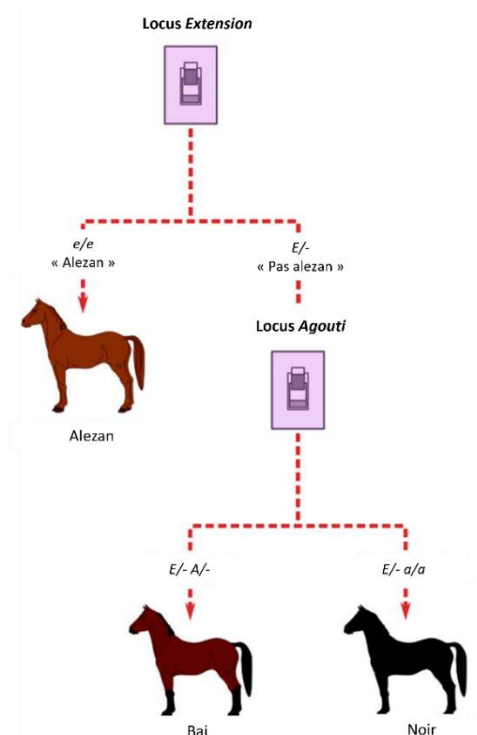


Figure 15 Détermination de la robe de base

Lorsqu'un allèle *E* est présent, le cheval peut être bai ou noir, en fonction de son génotype pour le locus *A*. Lorsqu'aucun allèle *E* n'est présent, le cheval est alezan. Un tiret désigne n'importe quel allèle du locus (d'après Sponenberg and Bellone, 2017).

#### b) Déterminisme génétique du dun

Il a été montré que les robes de base pouvaient être modifiées via l'action de gènes de dilution comme c'est le cas pour le phénotype dun. Le dun est caractérisé chez les équidés, par une dilution de la couleur des poils et des crins de la majeure partie du corps, à l'exception de certaines zones formant des motifs caractéristiques appelés marques primitives.

Il a été identifié que la marque la plus courante était une bande de poils non dilués le long de la ligne du dos appelée raie de mulet. Elle se prolongeait dans la crinière et dans la queue, les poils y étaient plus foncés qu'en périphérie et elle était bien nette. Souvent elle s'accompagnait d'une crinière et d'une queue mélangeant des crins plus ou moins foncés.

Les zébrures sur les membres étaient aussi systématiquement présentes de manière symétrique mais suivant le degré de dilution de la robe, elles pouvaient être difficiles à objectiver.

Il était aussi possible d'observer une cape de Maure, c'est-à-dire une tête plus foncée que le reste du corps ainsi que des ombres scapulaires avec des poils plus foncés au niveau des épaules et descendant plus ou moins bas (Figure 16).





Figure 16 Marques primitives de la robe dun

A gauche : cap de Maure ; au milieu : raie de mulet ; à droite : zébrures sur les membres

(images : A. Rivet)

Il a été prouvé que chez les équidés, le phénotype dun était gouverné par le gène *T-box transcription factor 3 (TBX3)* situé au locus *Dun (D)* du chromosome 8.

Bien que le rôle de *TBX3* dans la pigmentation des poils chez les équidés n'ait été décrit que récemment, il était déjà connu dans d'autres espèces, telles que l'Homme et les souris. Plusieurs mutations perte de fonction de *TBX3* avaient été décrites et étaient à l'origine, à l'état hétérozygote, d'un syndrome cubito-mammaire s'accompagnant d'anomalies de développement des membres, du tractus génital et des dents (Bamshad, 1997).

Il a été supposé que l'allèle sauvage du locus *Dun* du cheval serait dominant et que deux allèles récessifs seraient impliqués dans la non-dilution : *Dun (D)*, *non-dun 1 (nd1)* et *non-dun 2 (nd2)*. Le séquençage du locus *Dun* a permis de mettre en évidence l'existence de variants structuraux en aval du gène à l'origine des différents allèles (Figure 17).

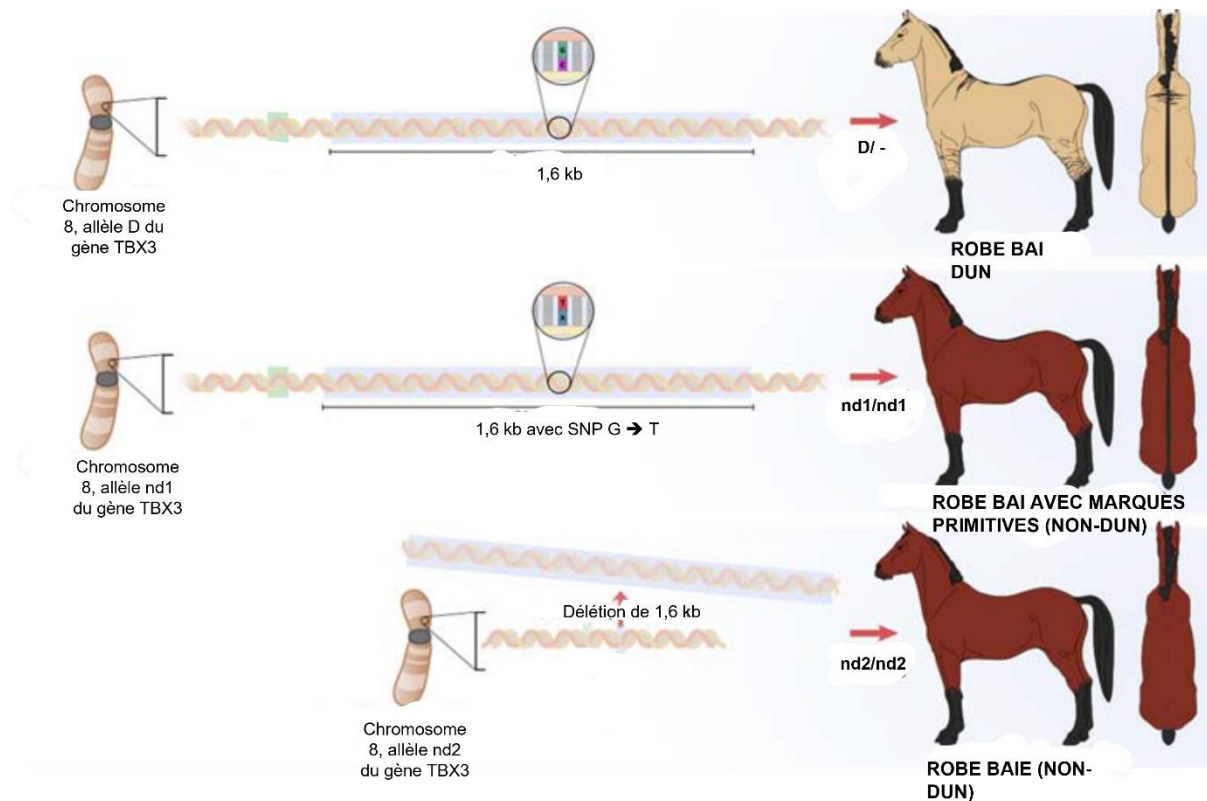


Figure 17 Variants structuraux à l'origine des différents allèles du gène TBX3 et phénotypes associés

Dans le cas de l'allèle *D*, une insertion a été identifiée 5 kilobases (kb) en aval du gène *TBX3* (représenté par un carré vert pâle) dans la région régulatrice. Cette séquence de 1,6 kb est le siège de variations structurales à l'origine des deux autres allèles non-dun.

Pour l'allèle *nd2*, cet insert est totalement absent tandis que l'allèle *nd1* se caractérise par un SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) G → T dans la région déléetée chez *nd2*

Les grossissements montrent le remplacement d'un nucléotide G (*guanine*, carré vert) apparié à un nucléotide C (*cytosine*, carré rose) par un nucléotide T (*thiamine*, carré rouge) qui s'apparie donc avec un A (*adénine*, carré bleu).

(d'après Sponenberg and Bellone, 2017).

L'allèle *D*, dominant, serait responsable d'une dilution de la robe et de l'apparition de marques primitives : raie de mulot et zébrures sur les membres le plus souvent. La présence de cet allèle chez des races primitives comme le cheval de Przewalski laisserait supposer qu'il s'agit de l'allèle sauvage, apportant potentiellement un atout aux équidés primitifs pour se camoufler grâce à leur robe diluée moins voyante pour les prédateurs. L'allèle *nd1*, dominant sur *nd2*, s'accompagnerait de la présence de marques primitives sans dilution de la couleur des poils ou des crins sur le reste du corps. L'allèle récessif *nd2* serait caractérisé par l'absence totale de dilution et de marques primitives (Imsland et al., 2016).



Figure 18 Comparaison du phénotype d'un cheval bai dun et d'un cheval bai non-dun avec marques primitives  
 Images du haut : cheval bai dun porteur d'une copie de l'allèle *D*, sa robe est diluée et il présente des marques primitives

Images du bas : cheval bai non-dun homozygote *nd1/nd1*, il présente une raie de mulot mais sa robe n'est pas diluée et ses crins ne sont pas mélangés  
 (images : A. Rivet).

L'allèle *nd2*, a été retrouvé uniquement dans des races domestiquées et est vraisemblablement plus récent que l'allèle *nd1* qui lui a été retrouvé dans l'ADN (Acide Désoxyribonucléique) de chevaux hétérozygotes *D/nd1* ayant vécu il y a 43 000 ans, bien avant la domestication des équidés (Imslund et al., 2016).

L'appellation donnée à la robe en présence d'au moins une copie de l'allèle *D* dépend du génotype de l'individu pour les autres gènes de couleur, donc de sa robe de base. Sur une base noire, le dun donne du grullo aussi appelé souris ou *blue dun*. Sur une base baie, la robe obtenue est bai dun, aussi appelée isabelle, et sur une base alezan, la robe est alezan dun aussi nommée *red dun* (Figure 19).





Figure 19 Robes diluées par l'allèle Dun

En haut à gauche : étalon bai dun (isabelle) ; en haut à droite : jument grullo ou *blue dun* ; en bas : hongre alezan dun ou *red dun*

(images : A. Rivet)

Il a été montré que la dilution de la robe chez les chevaux dun était en fait liée à des modifications de la pigmentation des poils. L'observation microscopique de poils dilués et non dilués a permis de mettre en évidence que la différence de coloration était due à une disposition différente des granules pigmentaires dès la phase de croissance du poil.

Des poils ont été prélevés chez des chevaux dun à différents endroits, les poils dilués provenaient de la croupe tandis que les poils non dilués avaient été prélevés dans la raie de mulet. L'observation de sections transversales de ces crins a montré que dans les poils dilués, les granules pigmentaires ne se trouvaient que dans 25 à 50% du cortex tandis que dans les poils non dilués de la raie de mulet, ils étaient dispersés dans l'ensemble du cortex (Figure 20 ; Imsland et al., 2016).

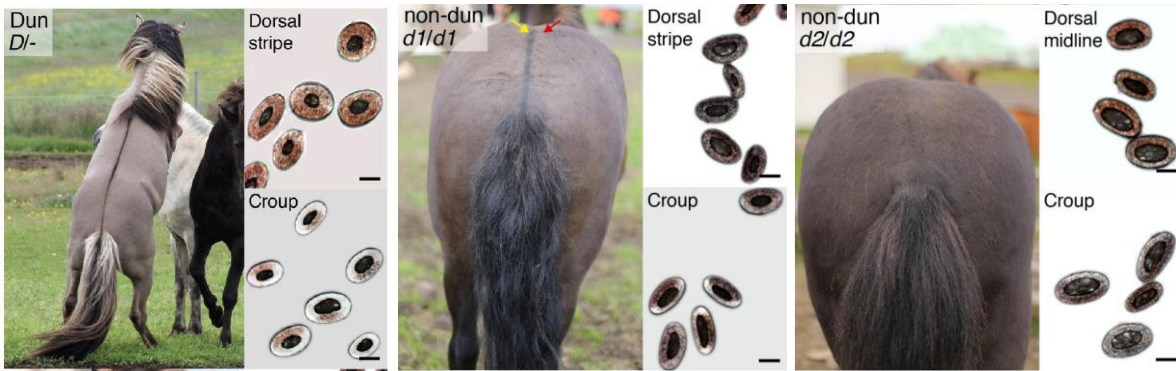


Figure 20 Observation microscopique de coupes transversales de poils et phénotypes associés  
Croup = croupe ; dorsal stripe = raie de mulet. Pour chaque génotype une photo du cheval et des coupes transversales de poils correspondantes sont présentées.

Chez les individus dun porteurs d'au moins une copie de l'allèle D, les pigments sont déposés de manière asymétrique dans le cortex pileux excepté dans la raie de mulet où la répartition est uniforme.

Dans le cas des chevaux non-dun homozygotes *nd1/nd1* (*d1/d1*), l'asymétrie de dépôt des pigments est aussi visible, bien que moins marquée que chez les chevaux dun.

Chez les chevaux non-dun homozygotes *nd2/nd2* (*d2/d2*), les pigments sont uniformément répartis dans l'ensemble des poils de l'individu

(d'après Imsland et al., 2016).

Des expériences d'immunomarquage à partir de sections de peaux issues de la croupe de chevaux dun ont montré que le profil d'expression du gène *TBX3* dans les follicules pileux était corrélé négativement avec le dépôt de pigment. Il semblerait que *TBX3* agisse dans un sous-ensemble spécifique de kératinocytes du cortex pileux pour inhiber partiellement la synthèse de pigment dans les poils dilués.

Par ailleurs il a été prouvé que dans la peau des chevaux dun, l'expression de *KITLG* était diminuée par rapport aux chevaux non-dun et que son profil d'expression était asymétrique dans les poils dilués, en cohérence avec la distribution asymétrique des mélanocytes et des dépôts pigmentaires. Or il a été montré que le signal *KITLG/c-KIT* était nécessaire à la migration des mélanoblastes ainsi qu'à la prolifération des mélanocytes.

Chez des chevaux dun, la zone d'expression de *TBX3* était identique à la zone d'extinction de *KITLG* et correspondait également à la zone d'absence de pigmentation du poil. Chez les chevaux non-dun (allèles *nd1* et *nd2*), il a été montré que les variants de l'insert situé en aval du gène *TBX3* régulaient négativement l'expression de celui-ci.

Il semblerait donc que chez les chevaux dun, l'expression asymétrique de *TBX3* inhibe de manière aussi asymétrique l'expression de *KITLG* donc la pigmentation des poils. Chez les chevaux non-dun possédant une mutation de *TBX3*, celle-ci l'empêcherait d'inhiber *KITLG* et le dépôt de pigments serait uniforme dans l'ensemble du poil (Figure 21 ; Imsland et al., 2016).

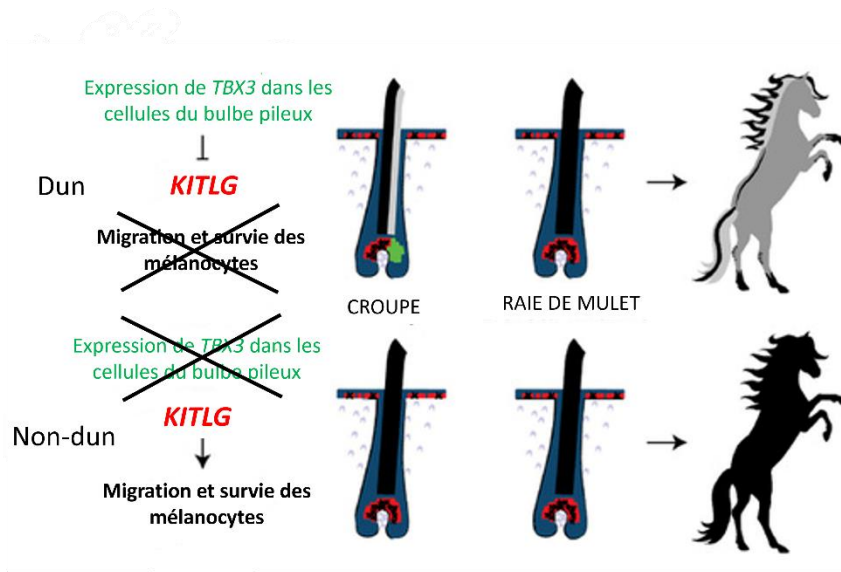


Figure 21 Profils d'expression des gènes *TBX3* et *KITLG* et répartition des pigments dans les tiges pileuses chez des chevaux dun et non-dun

Le profil d'expression de *TBX3* est représenté en vert et celui de *KITLG* est représenté en rouge.

Dans le cas des poils dun, l'expression de *TBX3* dans une partie du follicule pileux inhibe l'expression de *KITLG* et la production de pigment. Le poil apparaît donc globalement plus clair à cause de l'asymétrie de pigmentation.

Dans le cas de poils non dilués (chez des chevaux non-dun ou dans la raie de mulet de chevaux dun), le gène *TBX3* est muté et ne s'exprime pas dans le follicule pileux, *KITLG* peut alors s'exprimer et le dépôt de pigment est uniforme sur toute la circonférence du poil

(d'après Imsland et al., 2016).

Il a été montré que chez d'autres races caractérisées par la dilution dun de leur robe, comme le poney des Carpathes, qu'il existait des incohérences entre leur phénotype réel et la robe enregistrée (Mackowski et al., 2019). En effet, certains chevaux *nd1/nd1* ou *nd1/nd2* avaient été mal classifiés du fait de l'existence de nuances « intermédiaires » de bai. Ceci s'expliquait par l'effet phénotypique moins marqué de l'allèle *nd1* comparé à l'allèle *nd2* issu d'une délétion de l'insert (Imsland, 2016).

Des travaux ont également été réalisés sur le cheval Konik dont la seule robe autorisée au stud-book était le grullo ou *blue dun*. Il a été montré que dans cette population d'individus portant tous au moins une copie de l'allèle dominant *D*, il persistait une hétérogénéité de robe.

Les éleveurs classaient en effet leurs chevaux en trois catégories : grullo clair, grullo standard et grullo foncé. Les individus homozygotes *D/D* présentaient une nuance de grullo plus claire que les chevaux portant une copie de l'allèle *nd2*, suggérant ainsi une dominance incomplète de l'allèle *D* (Mackowski et al., 2019).

## 2) Parenté et consanguinité

Deux individus apparentés possèdent au moins un ancêtre commun. La parenté de deux individus peut être mesurée par leur coefficient de parenté. Le coefficient de parenté a été défini comme la probabilité pour qu'un allèle pris au hasard chez le premier parent soit identique par ascendance à un allèle pris au hasard au même locus chez le deuxième parent.

La consanguinité est le phénomène qui apparaît lorsque l'on produit un individu dont les deux parents sont apparentés. Le coefficient de consanguinité permet de mesurer cette consanguinité chez un individu.

Le coefficient de consanguinité a été défini comme la probabilité que chez un individu consanguin, à un locus quelconque, les deux allèles soient identiques par ascendance, c'est-à-dire que l'individu ait reçu de ses parents deux copies identiques du gène provenant d'un ancêtre commun. Ainsi, on constate que le coefficient de parenté des deux parents est égal au coefficient de consanguinité de leur descendant.

Un équidé dont les parents n'ont aucun ancêtre commun aura un coefficient de consanguinité nul, sinon il sera plus ou moins élevé selon le degré de parenté des parents.

Bien que la consanguinité ait longtemps été favorisée afin d'obtenir des populations plus homogènes et fixer les caractères désirés dans certaines populations de chevaux, il a été montré que la consanguinité pouvait avoir deux issues :

- elle pouvait être favorable lorsqu'elle permettait de mettre à l'état homozygote des allèles récessifs gouvernant des caractères favorables (ayant un intérêt pour l'individu) ;
- elle pouvait aussi être défavorable si elle mettait à l'état homozygote des allèles récessifs indésirables dans la population (allèles délétères) et permettait leur accumulation.

En règle générale, il a été montré qu'un coefficient de consanguinité de 6 % ou plus chez un individu pouvait entraîner des risques, pas nécessairement pour l'individu lui-même mais surtout s'il était destiné à reproduire par la suite, en particulier si plusieurs reproducteurs étaient concernés (Sabbagh et al., 2021)

Parmi les effets attendus d'un niveau de consanguinité trop haut se trouvaient une diminution des performances (Hill et al., 2022), une baisse de la fertilité (Perdomo-González et al., 2021) ainsi qu'un risque accru de maladies génétiques. Ceci a été regroupé sous le terme de dépression consanguine ou dépression endogamique. Il s'agissait d'une diminution de la valeur sélective (capacité à engendrer une génération suivante) d'une population, secondaire à l'accouplement répétés d'individus apparentés entre eux, ceci du fait de la mise à l'état homozygote de mutations délétères. Ce phénomène était d'autant plus présent chez les populations à petit effectif où la consanguinité était très présente (Hill et al., 2022).





## **DEUXIEME PARTIE : ETUDE EXPERIMENTALE**



## I. Contexte et but de l'étude

L'étude de l'origine de la race Henson a montré qu'elle était issue de croisements entre des étalons Fjords et des juments de selle de différentes races. Les différentes robes et nuances présentes chez ces races ont permis l'introduction de nombreux allèles des gènes de la couleur chez les individus Henson de première génération puis leurs descendants. Or le standard de la race ne reconnaît que quelques robes spécifiques (Annexe 1).

Malgré la sélection opérée par les éleveurs depuis plusieurs années, qui a déjà permis de quasi éliminer par exemple la robe alezan, certains allèles indésirables, en particulier des allèles récessifs, sont toujours présents à ce jour dans la race. De plus, différents génotypes, en particulier pour le locus *Dun* (voir première partie), peuvent gouverner des phénotypes très proches. Le génotypage n'étant pas encore systématique chez les chevaux Henson, une majorité d'individus est inscrite dans la base SIRE (système d'information relatif aux équidés) avec une robe isabelle, sans mentionner la présence ou l'absence de marques primitives (raie de mulet, zébrures).

La première partie de notre étude expérimentale avait pour objectif de déterminer les différents allèles des locus *Extension*, *Agouti* et *Dun* (voir première partie) présents dans la population Henson actuelle, à l'aide d'un échantillon d'individus, notamment des individus reproducteurs ou futurs reproducteurs, et d'étudier les différents phénotypes résultant des différentes combinaisons alléliques.

Par ailleurs, le cheval Henson est à ce jour une race à faible effectif dont le nombre de reproducteurs actifs est limité. La conformité de la robe au standard de la race (Annexe 1) restreint d'autant plus le nombre de candidats reproducteurs pouvant être approuvés à produire en Henson.

Dans le contexte actuel où le nombre d'étalons Henson actifs a tendance à diminuer, la probabilité de croiser des individus apparentés progressait et bien que les coefficients de consanguinité des poulains actuels soient encore raisonnables, les éleveurs ont souhaité mettre en place une stratégie de croisement optimale le plus tôt possible, pour :

- éviter la diminution des performances ;
- limiter la survenue des anomalies génétiques qui peuvent apparaître lorsque la consanguinité est trop forte;
- tout en conservant le standard de robe de la race qui fait sa particularité.

La deuxième partie de notre étude avait donc pour objectif de proposer un plan d'accouplement aux éleveurs, pour le choix de leurs futurs croisements, qui respecte le cahier des charges énoncé ci-dessus.



## II. Matériel et méthodes

### 1) Animaux

#### A- Chevaux de l'étude génotypique et phénotypique

L'étude génotypique et phénotype a porté sur soixante-cinq chevaux Henson dont :

- soixante chevaux enregistrés avec une robe isabelle à l'IFCE (Institut français du cheval et de l'équitation) ;
- trois chevaux enregistrés en bai à l'IFCE ;
- deux chevaux enregistrés en gris ou en souris à l'IFCE ;
- un cheval enregistré en alezan à l'IFCE.

#### B- Méthode de recrutement et critères d'inclusion

Les chevaux ont été recrutés grâce à l'association du cheval Henson et aux éleveurs et propriétaires ayant participé au plan CHEVAL 2021 (voir Annexe 2 pour le détail du plan ; filière équine Hauts de France, <https://www.chevaux-hauts-de-france.com/10-plan-regional-filiere-equine>).

Cinquante-deux des chevaux compris dans l'étude ont été prélevés dans le cadre du plan CHEVAL débuté en 2021 car ils présentaient un intérêt pour la reproduction.

Les quatorze chevaux restants ont été prélevés en 2022 par moi-même, car ils présentaient une couleur de robe hors-standard, bien que leurs parents aient été conformes au standard de la race.

#### C- Chevaux inclus dans le plan d'accouplement

Notre proposition de plan d'accouplement a inclus les individus reproducteurs (mâles et femelles) actifs, c'est-à-dire :

- les treize étalons destinés à reproduire à la saison de monte 2024, dont la liste a été fournie par l'ACH ;
- les cinquante-quatre juments ayant été mise à la reproduction en 2022 ou 2023, d'après les données de l'IFCE.

Tous les individus inclus dans le plan d'accouplement correspondaient au standard de la race et pouvaient produire en Henson. Ils appartenaient à des élevages de chevaux Henson ou à des particuliers.

#### D- Information des propriétaires et éthique

Les éleveurs et propriétaires de chevaux Henson ayant participé au plan CHEVAL de 2021 ou nouvellement inclus dans l'étude ont été informés par courrier électronique du projet et de l'utilisation des données de 2021 dans le cadre de ce nouveau travail.

L'étude a reçu l'avis favorable du comité d'éthique de VetAgro Sup.

### 2) Méthode de prélèvement et d'analyse des échantillons

#### A- Prélèvement des crins

Des crins de la crinière et de la queue ont été prélevés avec leur bulbe pileux chez tous les chevaux participant à l'étude suivant la méthode préconisée par le laboratoire Labeo (Annexe 3 ; laboratoire Labeo, [www.laboratoire-labeo.fr](http://www.laboratoire-labeo.fr)).

## B- Photographies des chevaux

Tous les chevaux dont le génotype a été utilisé pour cette étude ont été pris en photo. Suivant les cas, les photos ont été récupérées sur le site internet de l'ACH, ont été prises par le propriétaire ou bien par moi-même.

Les photographies souhaitées pour visualiser la robe et la présence d'éventuelles marques primitives comprenaient :

- une photographie corps entier profil gauche ;
- une photographie corps entier profil droit ;
- une photographie de la tête vue de face avec front et chanfrein dégagé ;
- une photographie de la ligne du dos ;
- une photographie d'un membre si présence de zébrures.

## C- Génotypage des chevaux

Dans le cadre du plan CHEVAL, le génotypage des chevaux a concerné le locus *Dun* et éventuellement les locus *Extension* et *Agouti* si le génotype de l'individu pour ces locus n'était pas déjà connu.

Les quatorze chevaux prélevés en 2022 ont été génotypés pour les locus *Extension*, *Agouti* et *Dun*.

Les crins ont été envoyés au laboratoire Labeo ([www.laboratoire-labeo.fr](http://www.laboratoire-labeo.fr)), qui a effectué le génotypage selon leur méthode développée en interne et confidentielle.

## 3) Plan d'accouplement rotatif

### A- Principe

Le modèle d'accouplement rotatif a été choisi pour le cheval Henson. Ce modèle a été créé par l'INRA et utilisé pour différentes populations animales depuis les années 1980 (De Rochambeau 1985 ; Djellali, 1994 ; Bertoni, 2000 ; Bonnin, 2011).

Il repose sur la répartition des individus reproducteurs en familles de reproduction de taille homogène. Au sein d'une famille se trouvent un groupe d'étalons et un groupe de juments, apparentés (Figure 22).

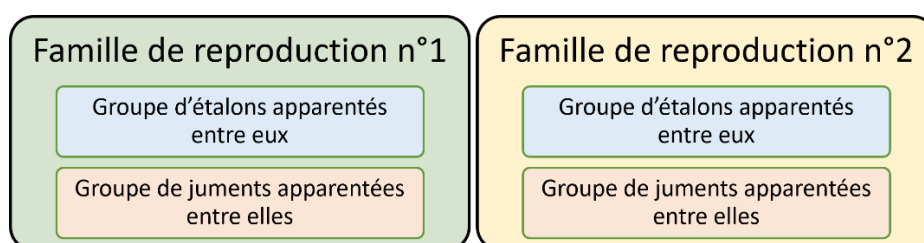


Figure 22 Répartition des individus reproducteurs en familles

Au sein de chaque famille, les étalons et les juments sont apparentés entre eux

(D'après Bertoni, 2000 ; Bonnin, 2011).

Ces familles ont ensuite été réparties sur deux cercles concentriques : un cercle pour les groupes d'étalons des différentes familles et un cercle pour les groupes de juments. La rotation d'un de ces cercles par-rapport à l'autre, à intervalles de temps prédéfinis, détermine au fil des saisons de monte quel groupe d'étalons rencontre quel groupe de juments.

Le modèle stipule que lors du placement initial des groupes sur les cercles, il faut éloigner au maximum les groupes d'étalons et de juments appartenant à une même famille afin qu'ils se rencontrent le plus tard possible et qu'un renouvellement des reproducteurs dans les groupes aient déjà eu lieu (Figure 23).

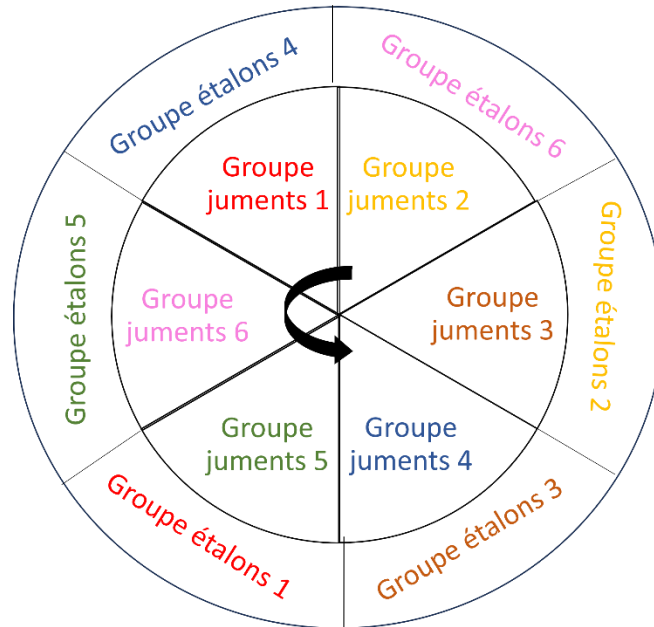


Figure 23 Répartition des familles de reproduction sur deux cercles concentriques dans le cadre d'un schéma rotatif  
Ici le schéma rotatif est prévu pour six familles de reproduction, le cercle interne effectue une rotation anti-horaire et le cercle externe reste fixe. Les groupes d'étalons et de juments appartenant à une même famille ont été placés de sorte à se rencontrer le plus tard possible  
(D'après Bertoni, 2000 ; Bonnin, 2011).

## B- Règles d'élaboration

Les principes de base pour l'élaboration et l'utilisation du plan étaient les suivants. Au moment de la création du plan :

- les familles devaient être créées en regroupant les individus les plus apparentés. Les groupes d'étalons ont été formés en prenant les mâles ayant le coefficient de parenté le plus élevé. Les femelles sont réparties dans les familles en prenant en compte leur lien de parenté avec les différents étalons ;
- la taille des familles devait être la plus homogène possible ;
- la place des familles sur le cercle a été définie à l'avance, en faisant en sorte que le groupe d'étalon et le groupe de juments d'une même famille se rencontrent le plus tard possible ;
- le rythme de rotation des cercles a été défini à l'avance et devait être modifié le moins possible ;
- les règles de renouvellement des reproducteurs devaient également être définies à l'avance ainsi que les règles de distribution des nouveaux individus dans les familles.

## C- Données fournies par l'IFCE

La création des familles a été basée sur les données fournies par l'IFCE ainsi que sur l'utilisation du module optiSel [*Optimum Contribution Selection and Population Genetics* (optiSel, Wellmann, 2019)] du logiciel R (R Core Team, 2021), voir paragraphe suivant.

La liste des chevaux Henson enregistrés sur la base SIRE fournie par l'IFCE comportait entre autres pour chaque individu : son nom, son année de naissance ainsi que le nom de son père et de sa mère. Ces données ont été utilisées afin de créer un pedigree.

#### D- Apport du module optiSel dans l'élaboration des familles

Le module *Optimum Contribution Selection and Population Genetics* (optiSel) du logiciel R est un outil destiné à optimiser les programmes d'élevage (Wellmann, 2019). Dans le cadre de ce travail, deux fonctions ont été utilisées.

La fonction « *prePed* » a permis de créer un pedigree, c'est-à-dire une généalogie en se basant sur les données fournies par l'IFCE. Le logiciel a ainsi trié les individus en utilisant leur date de naissance, leur sexe et leurs géniteurs afin de recréer un arbre généalogique utilisé pour ensuite calculer les coefficients de parenté entre chaque individu à inclure dans le plan de reproduction.

La fonction « *pedIBD* » a permis de calculer les coefficients de parenté entre tous les individus inclus dans le pedigree. Le résultat a été donné sous forme de tableau à double entrée regroupant les coefficients de parenté deux à deux.

Dans le cadre de l'élaboration du plan d'accouplement n'ont été conservés que les coefficients de parenté entre les individus à répartir dans les différentes familles.



### III. Résultats

#### 1) Etude génotypique et phénotypique

Pour les soixante-six chevaux testés, les résultats de génotypage pour les locus *Dun*, *Agouti* et *Extension* ont été répertoriés dans le tableau présenté en annexe 4.

Certains individus, dont des étalons actifs, avaient été génotypés pour les locus *Extension* et *Agouti* précédemment à la dernière campagne de génotypage et les résultats n'ont pas été communiqués. Toutefois, le règlement du stud-book du cheval Henson indique que les étalons approuvés à la reproduction doivent avoir fourni un résultat concernant les locus *Agouti* et *Extension* et ne pas être porteurs de l'allèle *e*. Les génotypes théoriques ont donc été déduits, avec une certaine marge d'incertitude dans certains cas (Annexe 4) et affectés aux individus concernés.

Nous avons constaté une évolution de la répartition des phénotypes dans le temps. Il est apparu que la sélection opérée par les éleveurs a permis d'orienter la reproduction vers des croisements permettant d'obtenir des individus bai dun et d'éliminer progressivement les phénotypes indésirables tels que le grullo ou l'alezan.

#### A- Répartition des différentes couleurs de robe dans la population testée

La figure 24 présente la répartition des différentes couleurs de robe dans la population des soixante-cinq chevaux testés. Il apparaît que le phénotype bai dun était largement majoritaire (84,6 %) bien que les autres phénotypes aient occupé une part non négligeable de notre échantillon.

Les autres variations du bai : le bai avec marques primitives et le bai représentaient respectivement 6,2 % et 3,1 % de l'échantillon. Le grullo a été retrouvée chez 4,6 % de la population testée et le *red dun* chez 1,5 % de la population.

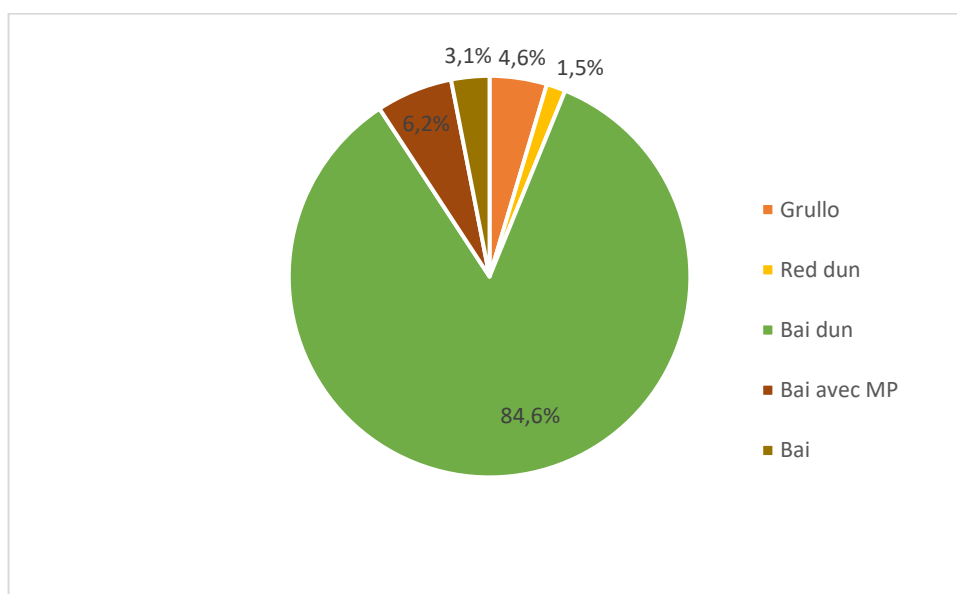


Figure 24 Répartition des différentes couleurs de robe dans la population de chevaux étudiés  
MP = marques primitives

## B- Répartition des différents allèles dans la population testée

Le tableau III présente la répartition des différents génotypes pour les locus *Extension*, *Agouti* et *Dun* dans la population testée.

Tableau III Répartition des différents génotypes pour les locus *Extension*, *Agouti* et *Dun* chez les 66 chevaux de l'étude

Extension			Agouti			Dun		
Génotype	Effectif	%	Génotype	Effectif	%	Génotype	Effectif	%
E/E	46	69,7	A/A	45	68,2	D/D	35	53,0
E/e	11	16,7	A/a	9	13,6	D/nd1	4	6,1
e/e	1	1,5	a/a	4	6,1	D/nd2	20	30,3
NR	8	12,1	NR	8	12,1	nd1/nd2	3	4,5
Total	66	100,0	Total	66	100,0	nd1/nd1	1	1,5
						nd2/nd2	3	4,5
						Total	66	100

NR : non renseigné, individus pour lesquels un génotype théorique a été proposé.

La figure 25 présente la répartition des différents allèles pour les locus *Extension*, *Agouti* et *Dun* dans la population testée.

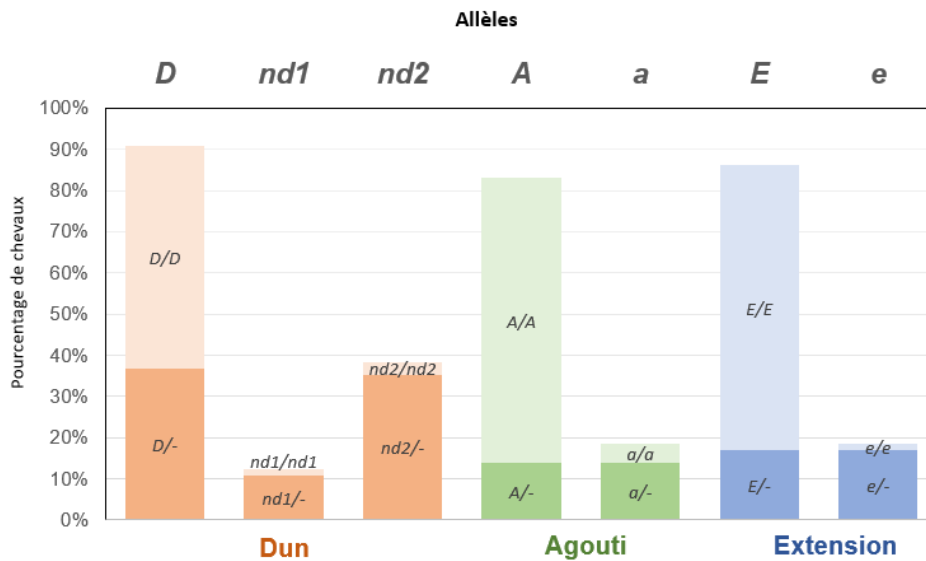


Figure 25 Distribution des différents allèles pour les locus *Dun*, *Extension* et *Agouti* dans la population de chevaux étudiée

Pour chaque allèle, une distinction a été faite selon s'il était présent à l'état homozygote ou hétérozygote chez les individus. Le tiret représente un autre allèle du locus concerné, c'est à dire que l'allèle étudié est présent à l'état hétérozygote.

Nous avons observé la présence des tous les allèles identifiés à chacun des trois locus testés, soit les allèles *A* et *a*, *E* et *e*, *D*, *nd1* et *nd2*.

Il est apparu que l'allèle *e* (responsable de l'alezan à l'état homozygote) était encore bien présent à l'état hétérozygote (chez 16,7 % de la population testée soit 11 individus sur 66) et qu'un cheval était homozygote *e/e*.

En ce qui concerne le locus *Agouti*, l'allèle *a* (responsable du phénotype noir à l'état homozygote) était présents chez 19,7 % de la population (13,6 % à l'état hétérozygote et 6,1 % à l'état homozygote).

Nous avons calculé les fréquences des allèles *e* et *a* dans la population des cinquante-huit chevaux disposant d'un génotypage effectif. Elles étaient de 11,2 % et 14,6 % respectivement.

Dans le cas du locus *Dun*, plus de la moitié de la population testée était homozygote pour l'allèle *D* responsable du phénotype recherché dans la race Henson. Toutefois les allèles *nd1* et *nd2* étaient encore présents à l'état hétérozygote chez de nombreux individus et sept chevaux étaient non porteurs de l'allèle *D* (homozygotes *nd1/nd1* ou *nd2/nd2* et hétérozygotes *nd1/nd2*).

Nous avons calculé la fréquence combinée des allèles non-dun (*nd1* et *nd2*) chez les soixante-six chevaux génotypés. Elle était de 28,8 %.

### C- Incohérences entre phénotype déclaré et couleur génétique

La figure 26 représente le pourcentage de conformité entre le phénotype attendu compte-tenu des données génétiques et la robe enregistrée à l'IFCE.

Chez 87,7 % des chevaux de notre échantillon, la robe déclarée à l'IFCE correspondait à la robe déterminée par leur génotype. En revanche, nous avons observé une incohérence chez 12,3 % des chevaux entre le phénotype déclaré et les données génétiques.

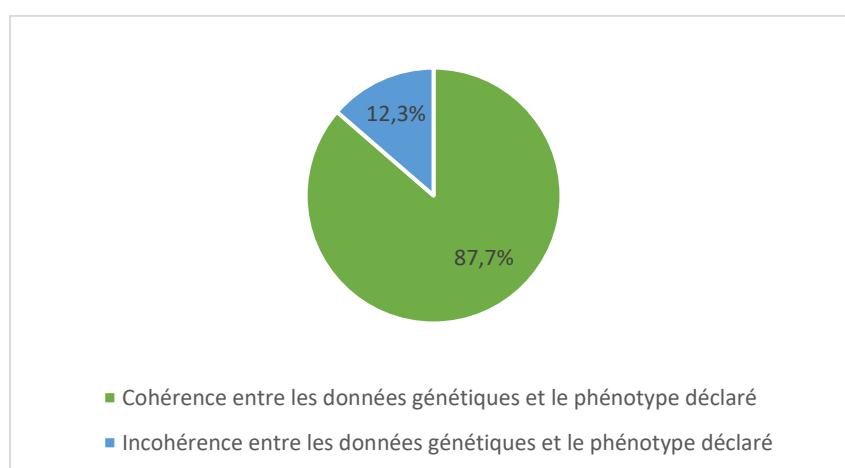


Figure 26 Diagramme de conformité entre les données génétiques et la robe déclarée à l'IFCE

### D- Cas des étalons reproducteurs actifs

Parmi les chevaux génotypés se trouvaient huit des étalons reproducteurs actifs au moment de l'écriture de ce manuscrit. Il est apparu que six d'entre eux étaient porteurs de l'allèle *nd2* (Annexe 4), qui à l'état homozygote est associé à une robe baie non diluée sans marques primitives (donc sans raie de mulet).

## E- Évolution dans le temps

La figure 27 montre l'évolution du taux de poulains d'une autre couleur que bai dun nés par an entre 2009 et 2019. Il apparaît que ce pourcentage qui était de 8,2 % en 2009 a subi une importante augmentation entre 2010 et 2014 jusqu'à atteindre 25 % en 2014 avant de diminuer à nouveau et d'atteindre 3,9 % en 2019.

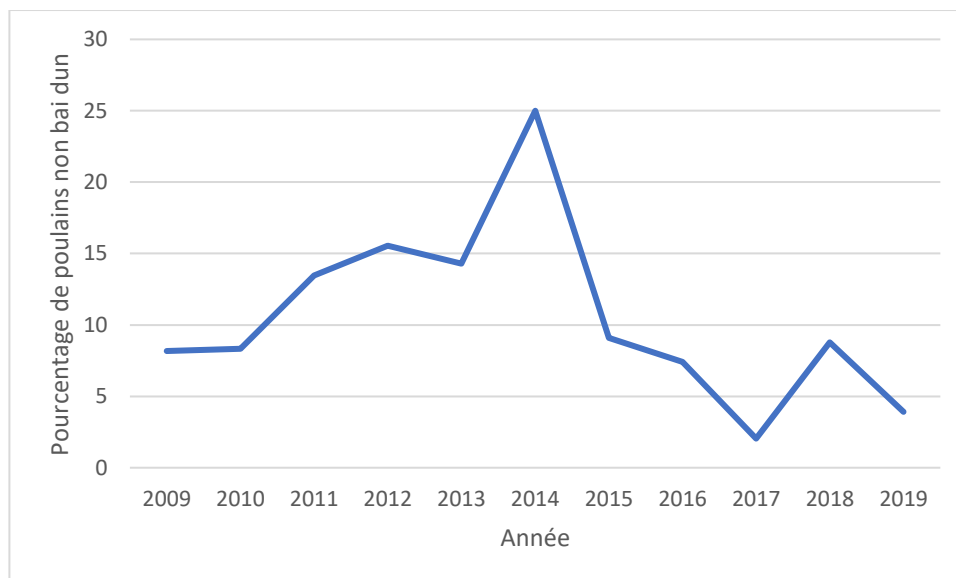


Figure 27 Evolution du taux de poulains non bai-dun nés entre 2009 et 2019

## F- Nuances liées au locus Dun

Les résultats de génotypages et les photographies ont permis de comparer le phénotype de divers individus entre eux.

Nous avons ainsi pu comparer le phénotype de trois chevaux bai (génotype  $E/E ; A/A$ ) et dun, dont le génotype ne différait que pour le locus *Dun* : génotypes  $D/D ; D/nd1$  et  $D/nd2$  (Figure 28).

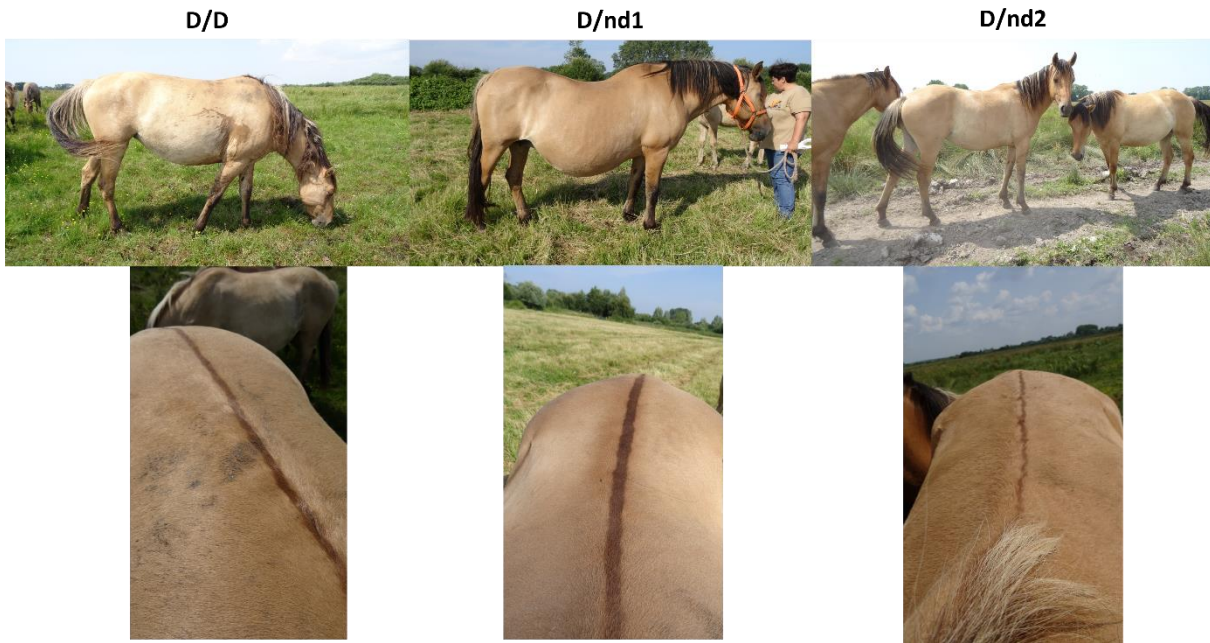


Figure 28 Comparaison des phénotypes de trois chevaux Henson bai dun

La robe de l'individu  $D/nd1$  est apparue d'une nuance moins diluée que celles des individus  $D/D$  et  $D/nd2$ . Cet individu avait également une raie de mulet plus large et plus foncée que celles des deux autres individus. L'individu  $D/nd2$  avait la raie de mulet la moins marquée, qui apparaissait fine et claire.

Dans un deuxième temps, les phénotypes de trois chevaux génotypiquement bai ( $E/-$  ;  $A/A$ ) ont été comparés. Nous avons pu apprécier les différences entre deux chevaux avec marques primitives et hétérozygotes  $nd1/nd2$  pour le locus *Dun*, dont l'un avait été enregistré en bai à l'IFCE, tandis que l'autre avait été enregistré en isabelle ; et un cheval bai avec marques primitives et homozygote  $nd1/nd1$  pour le locus *Dun* (Figure 29).

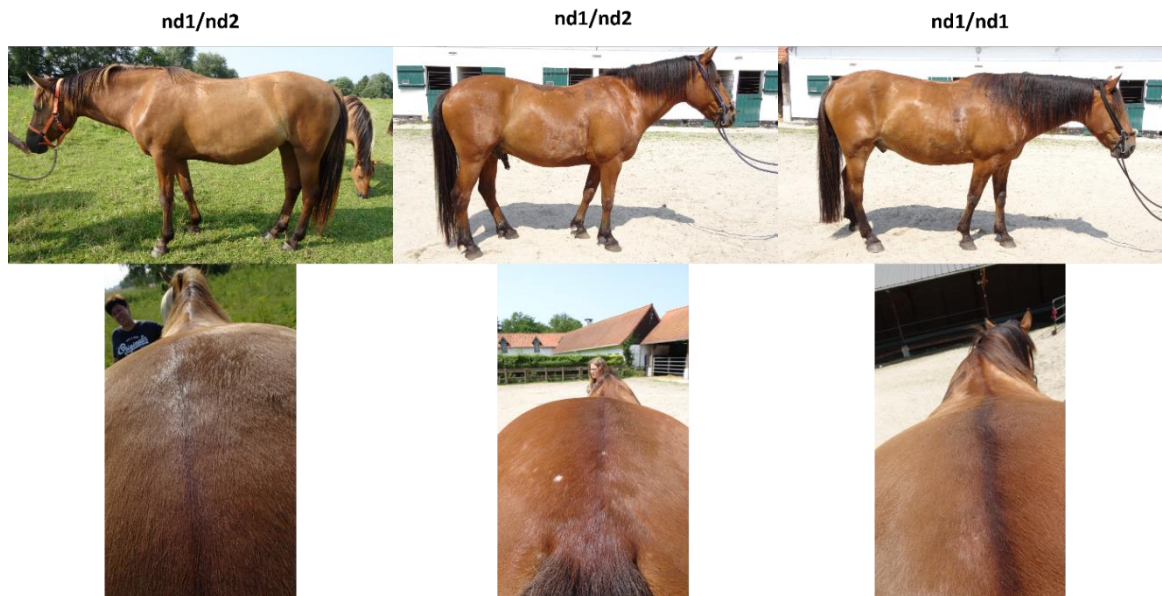


Figure 29 Comparaison des phénotypes de trois chevaux bais avec ou sans marques primitives

Malgré un génotype identique, les deux chevaux bais avec marques primitives présentaient des nuances de robes différentes. Par ailleurs, l'un d'entre eux possédait des crins mélangés tandis que l'autre avait les crins complètement noirs.

Chez l'individu homozygote  $nd1/nd1$ , la raie de mulet apparaissait plus marquée et plus large que chez les deux individus hétérozygotes.

## G- Corrélation génotype-phénotype

La figure 26 présentait la corrélation entre la couleur déclarée dans la base SIRE et la couleur génétique (due au génotype). A l'aide des génotypes et des photographies des chevaux, nous avons de plus évalué la corrélation génotype-phénotype pour la couleur de la robe, dans le cas où le phénotype était établi grâce aux photographies et non pas grâce à l'enregistrement de l'animal dans la base SIRE de l'IFCE.

Parmi les cinquante-cinq individus qui étaient génétiquement bai dun (génotypes  $E/-$ ,  $A/-$ ,  $D/-$ ), cinquante-trois étaient bai dun sur les photographies.

Deux individus présentaient une autre couleur : un individu bai avec marques primitives et un individu bai.

Parmi les trois individus qui étaient grullo génétiquement (génotypes  $E/-$ ,  $a/a$ ,  $D/-$ ), trois étaient grullo sur les photographies.

L'individu déclaré en gris à l'IFCE était grullo.

L'individu déclaré en souris à l'IFCE était grullo.

L'individu déclaré en isabelle à l'IFCE était grullo.

Le seul individu génétiquement *red dun* (génotype  $e/e$ ,  $A/a$ ,  $D/D$ ) était *red dun* sur les photographies. Il avait été enregistré en alezan à l'IFCE.

Le seul individu génétiquement noir (génotype  $E/E$ ,  $a/a$ ,  $nd2/nd2$ ) était bai dun sur les photographies. Il avait été enregistré en isabelle à l'IFCE.

Parmi les quatre individus qui étaient génétiquement bai avec marques primitives (génotypes  $E/-$ ,  $A/-$ ,  $nd1/nd1$  ou  $nd1/nd2$ ), trois étaient bai avec marques primitives sur les photos. Le quatrième individu ne présentait pas de marques primitives et était juste bai.

Parmi les deux individus qui étaient génétiquement bai (génotypes  $E/-$ ,  $A/-$ ,  $nd2/nd2$ ), deux étaient bai sur les photos. L'un d'eux avait été enregistré en bai à l'IFCE alors que l'autre avait été enregistré en isabelle.

Nous avons donc observé une excellente corrélation génotype-phénotype pour la couleur de la robe que nous avons établie grâce aux photographies de chevaux et leur génotype pour les locus *Extension*, *Agouti* et *Dun*. Seuls les individus présentés dans le tableau IV présentaient une mauvaise corrélation génotype phénotype.

Tableau IV Individus présentant une incohérence entre la robe génétique et la robe observée.

Individu	Race	Année de naissance	Sexe	<i>Extension</i>	<i>Agouti</i>	<i>Dun</i>	Robe génétique	Robe enregistrée à l'IFCE	Robe observée
4	Henson	1999	M	$E/E$	$A/A$	$D/nd2$	Bai dun	Isabelle	Bai avec MP
14	Henson	2005	M	$E/e$	$A/A$	$nd1/nd2$	Bai avec MP	Bai	Bai
33	Henson	2017	M	$E/E$	$A/-$	$D/nd2$	Bai dun	Isabelle	Bai
51	Henson	2018	F	$E/E$	$a/a$	$nd2/nd2$	Noir	Isabelle	Bai dun

MP = marques primitives, M = mâle, F= femelle. Notons que le bai dun correspond à de l'isabelle (avec marques primitives) dans la nomenclature française utilisée par l'IFCE.



## 2) Proposition d'un plan d'accouplement

La population reproductrice de chevaux Henson a d'abord été répartie en six familles comprenant chacune un ou plusieurs étalons, ainsi qu'un groupe de juments. Les familles portaient le nom de l'étalon situé le plus haut dans la lignée paternelle : RUBIS, KAVKA, SALTO, NASH, QUEW et RICK RACK.

Au sein d'une même famille se trouvaient les individus les plus apparentés entre eux en accord avec le pedigree créé grâce aux données de l'IFCE et du module optiSel, ou dans certains cas les individus les plus proches géographiquement (Tableau V).

Tableau V Répartition des individus reproducteurs Henson en six familles de reproduction

RUBIS	KAVKA	NASH	SALTO	RICKRACK	QUEW
Rubis d'Étalondes	Kavka des Cros	Nash de Morlay	Salto de Belozanne	Rick Rack de Henson	Quew de Henson
Fizz de Henson	Jagor des Cros	Neva de Morlay	Carbone de Henson	Forest de Henson	Aries
Hiccup de la Forge	Riga de Bonnemare	Venda de Morlay	Farima	Lituane de Henson	Django de Henson
Nomad de la Forge	Dounka de Henson	Taiga de Morlay	Celtica de Henson	Cheyane la Paturette	Garros de Belozanne
Grace de Henson	Faline de la Forge	Volga de Morlay	Haika de Henson	Belledune de Henson	Hermine de Henson
Cosmos de la Forge	Fiona de la Forge	Viva de Morlay	Feysbock de Henson	Tekila de Henson	Cybele de Belozanne
Polka de la Forge	Quetche de Diane	Kara de Morlay	Fève de Henson	Tennessee de Henson	Vestale de Belozanne
Udine de Touvent	Tara de Henson	Utesse de Morlay	Ferya du Sehu	Osaka de Henson	Cream de Belozanne
Harpie de Henson	Brume de Belozanne	Tina de Morlay	Rebeka	Alteia de Henson	Frozen de Henson
Riween de Touvent	Terryl de Touvent	Albane de Morlay	Babou d'Allenay	Melba	Dalriada de Henson
Ecume de la Forge	Taudree de Touvent	Osiris de Morlay	Iris d'Allenay	Uthie de Henson	Vania de Belozanne
Ebene de la Forge	Saril	Rose de Morlay	Diane des Fresnes	Elfy de la Paturette	Faune de Henson
Lowrage de Henson	Relza de Touvent				Ella de Belozanne
Jassynn de Touvent	Cocaïne de Henson				Hope de Henson
Volcane de Henson	Brindille de Henson				Douce de Henson
Fara de Henson	Sixtide de Henson				Alma de Belozanne
					Idylle de Bagneux
					Varessia de Molant

Les cases bleues correspondant aux étalons et les cases roses eux juments. Chaque famille porte le nom de l'étalon le plus haut dans la lignée parentale (nom indiqué en entête dans les cases vertes).

### A- Répartition des étalons

Les étalons ont été répartis dans les familles en fonction de leur parenté. Il s'agissait dans la plupart des cas d'un père et de ses fils, ou petit-fils dans le cas de la famille KAVKA. L'étalon Nash de Morlay était le seul étalon de sa famille, d'une part par absence de descendant mâle reproducteur mais aussi du fait de son isolement géographique (il n'appartient pas à l'ACH et ne se trouvait pas sur le domaine du Marquenterre).

### B- Répartition des juments

Lors de la constitution des familles de départ, le père de certaines juments se trouvait dans une famille et leur mère dans une autre. Il s'est donc posé la question de les affecter à la famille de leur père ou à celle de leur mère.

Une simulation de croisement a été réalisée sur deux générations, en prenant en compte deux cas de figure :

- la répartition des juments suivant la lignée paternelle donc suivant leur coefficient de parenté avec les étalons des familles ;
- leur répartition en fonction de la lignée maternelle, donc en utilisant leur coefficient de parenté avec les juments des familles.

Des croisements aléatoires ont été simulés sur deux générations, la première en utilisant les cercles en position initiale et la deuxième en effectuant une rotation d'un cran du cercle interne pour arriver à la position suivante des familles (voir matériel et méthodes). Les coefficients de consanguinité des potentiels poulains issus de ces croisements ont été calculés à l'aide de l'outil de simulation de croisement de l'IFCE ([www.ifce.fr](http://www.ifce.fr)). Il est apparu que la répartition des juments selon la lignée paternelle permettait d'obtenir des coefficients de consanguinité plus bas chez les futurs poulains. Nous avons ainsi choisi de répartir les juments selon leur lignée paternelle.

### C- Construction des cercles

Les familles ont ensuite été réparties sur deux cercles concentriques : les groupes d'étalons se trouvaient sur le cercle externe et les groupes de juments sur le cercle interne. Le placement initial des différents groupes a été choisi de sorte que les groupes de mâles et de femelles appartenant à une même famille se rencontrent le plus tard possible. Ainsi chaque année, un propriétaire souhaitant faire reproduire sa jument ou son étalon appartenant à une famille était invité à choisir un reproducteur de la famille située en face sur le cercle cette année-là (Figure 30).



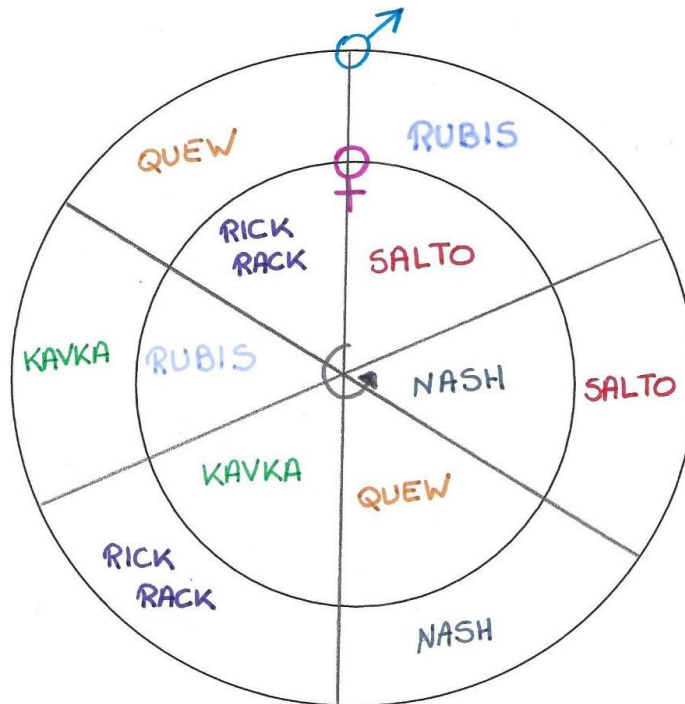


Figure 30 Schéma rotatif proposé pour le plan d'accouplement

Les familles ont été réparties sur deux cercles concentriques : les étalons sur le cercle externe qui est fixe et les juments sur le cercle interne qui effectue des rotations anti-horaires d'un cran à la fois. Les noms inscrits sur les cercles correspondent aux noms des familles de reproduction, nommées d'après l'étalon de la famille situé le plus haut dans la lignée paternelle (Tableau IV).

Ainsi pour la saison de monte 2024 :

- les juments de la famille RUBIS devaient être saillies par un étalon de la famille KAVKA ;
- les juments de la famille RICK RACK devaient être saillies par un étalon de la famille QU EW ;
- les juments de la famille SALTO devaient être saillies par un étalon de la famille RUBIS ;
- les juments de la famille NASH devaient être saillies par un étalon de la famille SALTO ;
- les juments de la famille QU EW devaient être saillies par un étalon de la famille NASH ;
- les juments de la famille KAVKA devaient être saillies par un étalon de la famille RICK RACK.

#### D- Rotation des cercles

Tous les quatre ans, une rotation anti-horaire d'un cran du cercle interne devait être effectuée, ce délai ayant été choisi en fonction de l'âge moyen de mise à la reproduction des chevaux Henson d'après les dernières données IFCE. Ce délai permettait de favoriser le brassage génétique et d'éviter qu'une femelle soit saillie par son père ou son frère. Ainsi lorsque les groupes mâle et femelle d'une même famille se rencontraient, il s'était écoulé un laps de temps suffisant pour qu'un renouvellement des reproducteurs ait pu avoir lieu.

#### E- Mise à jour des familles et règles de renouvellement

Chaque année, il était nécessaire de mettre à jour la liste des reproducteurs actifs : supprimer les chevaux morts, les chevaux stérilisés et affecter les reproducteurs nouvellement approuvés à une famille.

Chaque nouvel étalon approuvé était automatiquement affecté à la famille de son père et chaque nouvelle jument à celle de sa mère.

Il fallait dans la mesure du possible, veiller à conserver une certaine homogénéité dans la taille des familles. Cela reposait, entre autres sur une bonne gestion du renouvellement des reproducteurs, en particulier des étalons qui étaient en très faible effectif.

## IV. Discussion

### 1) Etude génotypique et phénotypique

#### A- Biais de l'étude

##### a) Nombre d'individus et recrutement

Notre étude a reposé sur l'étude génotypique et phénotypique de soixante-cinq chevaux. Cet effectif était faible par-rapport à la population de chevaux Henson pour pouvoir en tirer des conclusions définitives. De plus, les cinquante-deux chevaux génotypés en 2021 avaient été choisis pour leur statut de reproducteur ou futur reproducteur, leur robe correspondait donc au standard de la race et la majorité avaient un génotype correspondant au bai dun ( $E/-$  ;  $A/-$  ;  $D/-$ ). Ainsi seulement treize chevaux présentant des robes hors-standard ont pu être étudiés, bien que leur génotype ait présenté un intérêt supérieur pour identifier et quantifier la fréquence des différents allèles présents dans la population de chevaux Henson.

De plus, pour des raisons géographiques et organisationnelles, les chevaux prélevés étaient en grande majorité situés sur le domaine du Marquenterre et à proximité et appartiennent à l'ACH. Il aurait été intéressant de prélever des chevaux provenant d'autres élevages, en particulier d'élevages échangeant peu de chevaux avec le domaine du Marquenterre et dont les populations étaient relativement indépendantes.

##### b) Détermination de la couleur de la robe

Des photographies ont constitué le support de notre détermination visuelle de la couleur de la robe et de la présence de marques primitives chez les chevaux inclus dans notre étude. Mais différents facteurs ont pu rendre difficile l'interprétation des nuances de couleurs de robes. Tout d'abord compte-tenu du mode d'élevage extensif du cheval Henson, il n'a pas été possible de rassembler tous les individus étudiés dans un même endroit pour standardiser les photographies. Ainsi les images ont été réalisées en plein air, dans des endroits différents, à des heures différentes, par des appareils différents. Il n'a donc pas été possible d'exclure un biais causé par l'environnement et le matériel concernant les nuances observées.

##### c) Génotypage

Par ailleurs, dans le cadre de cette étude, les génotypages se sont limités à trois locus de la couleur : *Dun*, *Extension* et *Agouti*. Or de nombreux autres gènes jouant un rôle sur la couleur de robe existent et peuvent intervenir sur la nuance de robe observée. Il aurait donc peut-être été intéressant d'élargir le panel de locus testés dans le cadre de cette étude, même si les couleurs de robe désirées chez le Henson sont déterminées par les trois locus *Dun*, *Extension* et *Agouti*.

#### B- Des efforts de sélection payants, à poursuivre

La première partie de notre étude portant sur l'analyse phénotypique et génotypique de la robe a montré que le taux de poulains génotypiquement bai et dun ( $E/-$  ;  $A/-$  ;  $D/-$ ) pour les campagnes de naissance 2018 et 2019 était en augmentation par rapport aux années 2009-2010 (Figure 27), signe que les efforts réalisés par les éleveurs pour sélectionner leurs reproducteurs et ajuster leurs accouplements commençait à montrer des résultats positifs.

Nous avons identifié la présence des allèles  $e$  gouvernant l'alezan, et  $a$  gouvernant le noir, chez les individus de notre étude. Les fréquences de ces allèles indésirables étaient respectivement de 11,2 % et 14,6 %. Les

efforts de génotypage effectués, s'ils se poursuivent, devraient permettre de faire baisser ces pourcentages, jusqu'à éliminer, à terme, la présence de ces deux allèles dans la race Henson.

Nous avons également mis en évidence une fréquence non négligeable des allèles non-dun, *nd1* et *nd2*. En fréquence combinée, ils étaient présents à 28,8 % chez les 66 chevaux génotypés. Nous pensons donc qu'il serait intéressant de prévoir, dès maintenant, un renouvellement des étalons reproducteurs, en orientant la sélection vers des individus homozygotes *D/D*. Ce sujet sera abordé plus en détail dans la suite de cette discussion.

### C- Influence du génotype au locus Dun sur l'intensité de la dilution et des marques primitives

En ce qui concerne les différentes nuances de robes observées chez le cheval Henson, il est apparu que le génotype au locus *Dun* influait de manière majeure sur la nuance de robe observée, mais que des nuances pouvaient être observées entre chevaux de même génotype. Ainsi, nous avons mis en évidence que des individus porteurs de l'allèle dominant *D* pouvaient présenter des nuances de dilution différentes, selon qu'ils soient *D/nd1* ou *D/nd2* et même *D/D* bien que l'allèle *D* soit dominant. A ce stade de l'étude nous n'avons pas pu conclure sur un rôle potentiel des allèles *nd1* ou *nd2* dans les nuances de dilution et l'intensité des marques primitives, une seule comparaison ayant pu être effectuée (Figure 28). De même, nous n'avons pas pu conclure sur l'influence de l'homozygotie *D/D* par rapport à l'hétérozygotie *D/-* sur l'intensité de la dilution et des marques. Des études sur un plus grand nombre de chevaux sont nécessaires. Enfin, il a été montré que des locus pouvaient influencer les nuances de phéomélanine chez le cheval bai (Corbin et al., 2020). Nous n'avons aucune information sur la teinte de la phéomélanine avant dilution par la mutation *D* chez nos chevaux. Il est donc possible que les nuances observées n'aient pas été dues au locus *Dun* mais à d'autres locus indépendants.

Concernant les chevaux sans dilution dun, nous avons pu observer un individu homozygote *nd1/nd1*. Il présentait des marques primitives plus marquées que l'individu hétérozygote *nd1/nd2* observé (Figure 29). Nous avons également remarqué que deux individus de même génotype *nd1/nd2* pouvaient présenter des nuances de robe différentes et être enregistrés sous des appellations différentes à l'IFCE. Mais comme nous l'avons indiqué précédemment, il existe de variations de teinte de la phéomélanine chez les chevaux bai, qui ne sont pas forcément liées au locus *Dun* (Corbin et al., 2020).

### D- Incohérences entre robe déclarée, robe observée et robe génétique

Notre étude a également permis de mettre en évidence de nombreuses incohérences entre la robe enregistrée à l'IFCE et la robe génétique du cheval. Nous avons neuf chevaux avec cette incohérence dans notre cohorte (Annexe 4). Pour huit d'entre eux, l'observation des photographies a permis de conclure que l'incohérence était située entre robe enregistrée et robe observée visuellement, lorsque l'on ne tenait pas compte des marques primitives parfois difficiles à apprécier en photo sur les teintes peu à pas diluées de bai (Figure 29 ; Tableau IV). Pour l'un d'entre eux l'incohérence était située entre robe enregistrée et observée (qui étaient concordantes) et robe génétique (résultat du génotypage, Tableau IV).

Pour la première situation d'incohérence, nous pouvons émettre des hypothèses : il est possible que la personne ayant réalisé le signalement de l'animal n'ait pas été familière avec les nuances de robes dues au locus *Dun* et/ou ait omis ou n'ait pas vu la présence des marques primitives, parfois difficiles à apprécier chez les animaux qui ne présentent par ailleurs pas les crins mélangés (caractère facile à mettre en évidence, Figure 29). Il est également possible que le signalement réalisé sur un jeune animal, avec un pelage non définitif ait été rendu délicat du fait de la présence du poil de poulain.

Pour la seconde situation d'incohérence, l'hypothèse la plus probable étant donnée la grande différence visuelle entre la robe génétique (noire) et la robe visuelle (isabelle), serait une erreur au moment du génotypage, soit lors de l'envoi du prélèvement, soit lors de la saisie du résultat.

Nous en avons conclu qu'il était parfois difficile de différencier uniquement de visu les robes des chevaux et qu'il était parfois hasardeux de se fier au phénotype enregistré dans la base de données de l'IFCE, ce qui rendait ainsi le recours au génotypage indispensable pour une sélection efficace des reproducteurs et la gestion des accouplements.

## 2) Proposition d'un plan d'accouplement

### A- Un plan favorisant la diversité génétique

#### a) *Lutte contre la consanguinité*

Nous avons choisi une rotation des cercles tous les quatre ans, pour empêcher qu'une jument mise à la reproduction ne recroise la famille de son père avant qu'un renouvellement des reproducteurs aient eu lieu. Les juments étant en général mises à la reproduction autour de six ans en moyenne (d'après les données de l'IFCE), cela permettait, en absence de carrière reproductrice longue, qu'elles ne rencontrent jamais leur père ou leur frère.

#### b) *Brassage génétique*

La rotation des cercles tous les quatre ans permettait que toutes les groupes se soient rencontrés au bout de 24 ans. Suite à ce laps de temps, des allèles de toutes les familles de départ auront été retrouvés dans tous les groupes, remplissant ainsi l'objectif de brassage génétique.

### B- Un plan basé sur la mise à jour régulière de la population reproductrice

#### a) *Gestion des familles d'étalons*

Compte-tenu du faible nombre d'étalons actifs approuvés pour produire en Henson, la gestion des familles d'étalons demande une attention particulière, notamment en termes d'utilisation et de renouvellement des étalons.

Il est nécessaire de prévoir à l'avance le renouvellement d'un étalon dans sa famille, lorsqu'il approchera de la fin de sa carrière reproductrice, en le remplaçant par un de ses fils. Cela s'applique notamment à la famille NASH qui ne comportait qu'un seul étalon au moment de l'écriture de ce manuscrit et dont la relève n'avait pas encore été décidée. Il serait intéressant dans les prochaines saisons de poulinage de conserver entier un ou plusieurs de ses descendants mâles correspondant au standard, pour éviter la disparition de cette famille lors de l'arrêt de la carrière reproductrice de l'étalon actuel.

Par ailleurs, notre étude nous a montré que certains étalons étaient globalement, chaque année, plus utilisés que d'autres. Il s'agissait en particulier des étalons présents au domaine du Marquenterre, ou à proximité, tandis que les étalons situés hors du berceau de la race avaient une production beaucoup plus limitée car ils rencontraient moins de juments.

Il serait intéressant d'homogénéiser voire de limiter le nombre de juments présentées à chaque étalon, quitte à développer la circulation des étalons et d'éviter les carrières reproductrices trop longues. En effet, la théorie veut qu'après une rotation complète du cercle, une jument puisse ne pas s'accoupler avec son père ou son frère. Cela permettrait également de favoriser et de conserver l'homogénéité de tailles des différentes familles entre elles.

Par ailleurs, il serait intéressant de promouvoir l'utilisation d'étalons « originaux », c'est-à-dire un mâle correspondant au standard, mais peu apparenté au reste de la population actuelle ou aux ancêtres majeurs de la population.

#### *b) Calculs des coefficients de parenté*

Le plan d'accouplement proposé reposait sur la répartition des individus reproducteurs en familles selon leur degré de parenté. Chaque année il faudrait prévoir de mettre à jour la matrice regroupant les coefficients de parenté de tous les individus destinés à la reproduction cette année-là.

#### *c) Nécessité d'un génotypage systématique*

L'instauration d'un génotypage systématique pour les locus *Extension*, *Agouti* et *Dun* semble inévitable pour mener à bien le deuxième objectif de ce plan d'accouplement, à savoir conserver le standard de la race. Ceci permettrait d'assister les éleveurs dans leurs choix de croisement et d'éliminer progressivement les allèles *a*, *e*, *nd1* et *nd2*.

Les éleveurs auront ainsi la possibilité de détecter d'éventuelles incompatibilités entre les génotypes de l'étalon et de la jument et de choisir les candidats les plus adaptés pour obtenir un poulain bai dun homozygote pour le locus *Dun*.

Par ailleurs, cela serait aussi intéressant pour le renouvellement des reproducteurs. En effet, lors de l'approbation de deux candidats reproducteurs à qualité égale, il faudrait privilégier le candidat homozygote (*D/D*) pour le locus *Dun*.

### C- Limites du plan

#### *a) Une aide mais aussi un défi pour les éleveurs de chevaux Henson*

Bien que l'objectif premier de ce plan d'accouplement soit d'aider les éleveurs dans leurs choix de croisements, la mise en place du schéma rotatif va également représenter un défi pour eux. En effet, l'efficacité de notre plan d'accouplement repose en grande partie sur l'implication et la motivation des éleveurs de chevaux Henson. Il est donc primordial que la méthodologie soit claire pour eux, qu'ils sachent dans quelles familles se trouvent leurs chevaux et chaque année, pour chaque reproducteur, dans quelle famille choisir un étalon ou une jument dans le cadre du schéma rotatif.

Afin de les assister dans cette tâche, il pourrait être intéressant d'organiser l'envoi (tâche à la charge du club de race), chaque année, d'une note d'information rappelant la position des cercles pour la prochaine saison de monte et comprenant une liste des individus disponibles leur permettant de choisir un croisement dans la famille adéquate.

#### *b) Possibilités de rencontres*

Bien qu'en théorie notre proposition de plan d'accouplement permette à toutes les familles de se rencontrer, la mise en pratique risque d'être rendue difficile par l'organisation des élevages de chevaux Henson et leur mode de vide extensif.

Le nombre restreint d'étalons dans certaines familles, ainsi que l'espacement géographique et l'impossibilité d'échange avec certains élevages risquent de rendre difficiles le respect du plan certaines années. Par ailleurs le nombre restreint d'étalons limite les possibilités de sélection pour les éleveurs. Ils seraient alors contraints d'utiliser le même étalon quatre années de suite ce qui augmenterait le risque d'accouplement consanguin par la suite, ou pourraient décider d'utiliser un étalon d'une autre famille du fait de l'absence d'alternative.

### *c) Comparaison avec les plans mis en place dans d'autres espèces, d'autres races*

Plusieurs races à petit effectif ont déjà fait l'objet de programme de conservation génétique dont les races ovines Mérinos et Solognote (Djellali et al., 1994). Dans le cas de ces deux races, la population avait été divisée en groupes de reproduction en fonction de la parenté entre individus et des programmes de rotations avaient été mis en place selon des règles démographiques déjà testées avec des modélisations de populations réelles (De Rochambeau, 1985). Le but était de conserver la variabilité génétique et d'assurer la circulation des allèles (Djellali et al., 1994). Dans le cas de ces deux races, les schémas rotatifs avaient montré une efficacité satisfaisante du point de vue de la gestion démographique et de la conservation de la variabilité génétique. Les éleveurs avaient globalement réussi à respecter les recommandations, bien qu'une certaine hétérogénéité ait persisté dans la taille de descendance des différents mâles (Djellali et al., 1994).

Des plans d'accouplements similaires ont ensuite été mis en place chez les races Baudet du Poitou et Trait Poitevin Mulassier (Bertoni, 2000 ; Bonnin, 2011). Le premier schéma rotatif utilisé chez ces races poitevines (Bertoni, 2000) avait montré des résultats insuffisants lors de sa réévaluation en 2011, deux principales limites avaient alors été identifiées. Tout d'abord, il avait été mis en évidence que le suivi du plan d'accouplement par les éleveurs était décevant, en effet ceux-ci avaient une mauvaise connaissance de ce plan et présentaient des difficultés à le mettre en application du fait de l'éloignement géographique des différents étalons reproducteurs et des contraintes de déplacement pour les propriétaires de juments. Certaines incohérences dans la répartition des étalons, qui avait été établie en prenant en compte leur localisation géographique plutôt que leur parenté, avait également découragé les propriétaires à suivre les recommandations.

Par ailleurs, la gestion de la consanguinité avait été rendue difficile par une mauvaise connaissance de la population reproductrice. La composition des familles n'étaient pas systématiquement mise à jour en prenant en compte les animaux décédés et les nouveaux reproducteurs inclus dans le plan. De plus, les nouveau-nés femelles étaient automatiquement affectés à la famille de leur mère, comme le plan le prévoyait, même si l'éleveur ne l'avait pas suivi et avait choisi un étalon d'une famille différente que celle prévue cette année-là. Cette femelle risquait donc de se retrouver face à son père, son oncle ou son frère dans les rotations suivantes (Bonnin, 2011).

Lors de la réévaluation du plan en 2011, la composition des familles avait été revue en se basant sur la parenté entre les individus, comme cela a été fait dans notre proposition de plan pour le cheval Henson, plutôt que sur des contraintes géographiques ou d'égalité des effectifs. Le renouvellement des étalons devait ensuite se faire dans l'optique de conserver toutes les familles actives, de ne pas favoriser une lignée par-rapport à une autre et d'augmenter le nombre de reproducteurs mâles. Chaque étalon en fin de carrière devait être remplacé systématiquement par un de ses fils ou collatéraux.

Ensuite, il avait été proposé de créer des moyens d'information supplémentaires, ainsi que des aides financières à destination des éleveurs, afin de favoriser le suivi du plan d'accouplement. Il avait été aussi suggéré de calculer chaque année la parenté entre tous les individus mis à la reproduction et d'envoyer aux propriétaires de juments une liste d'étalons conseillés pour leurs futurs croisements. Un nouveau bilan n'avait pas encore été réalisé au moment de l'écriture de ce manuscrit pour évaluer l'efficacité de ces mesures.

Le plan d'accouplement proposé aux éleveurs de chevaux Henson a pris en compte les difficultés du premier plan d'accouplement chez les races poitevines et a utilisé certaines des nouvelles mesures créées lors du second plan. Pour l'instant aucune aide financière n'est prévue à destination des éleveurs mais il serait intéressant d'évaluer le taux de suivi du plan dans quelques années, ainsi que l'utilité qu'aurait ce soutien financier.





# CONCLUSION

Ce travail sur la génétique du cheval Henson avait pour objectif de caractériser les différents allèles présents dans la population actuelle, pour les locus de la couleur de la robe *Extension*, *Agouti* et *Dun* et d'identifier ceux permettant d'obtenir le phénotype bai dun, robe standard de la race.

Dans un deuxième temps, l'objectif était de proposer aux éleveurs de chevaux Henson une méthode permettant de les assister dans le choix de leurs reproducteurs et de leurs croisements, chez cette race à petit effectif dont le niveau de consanguinité est à surveiller de près.

Notre étude génotypique et phénotypique a regroupé soixante-six chevaux, situés pour la plupart dans la baie de Somme, berceau de la race. Celle-ci nous a montré que l'obtention du phénotype bai dun désiré pouvait être rendu difficile par la persistance de certains allèles indésirables dans la population actuelle et par une mauvaise identification de la couleur de la robe, du fait de la coexistence de diverses nuances de robe pour un génotype donné. Toutefois, le travail des éleveurs pour éliminer progressivement les allèles indésirables semblait commencer à porter ses fruits et restait une démarche à encourager dans les années à venir.

Un plan d'accouplement a ensuite été proposé sur le modèle du schéma rotatif déjà utilisé auparavant chez d'autres races et espèces domestiques. Basé sur la parenté entre les différents reproducteurs actifs, celui-ci devrait permettre un brassage génétique efficace ainsi qu'une bonne gestion du niveau de consanguinité de la population de chevaux Henson à l'avenir. Toutefois, la réussite de ce plan nécessitera une implication importante des éleveurs, dans le respect des règles de fonctionnement du schéma rotatif et dans la promotion de la circulation des étalons entre les élevages. Il sera aussi nécessaire de prévoir un renouvellement de la population d'étalons reproducteurs actifs dans les années à venir.

La mise en application de ce plan et les résultats obtenus seront à réévaluer d'ici quelques années, pour déterminer son efficacité et sa facilité de mise en application pour les éleveurs.



# BIBLIOGRAPHIE

Association du Cheval Henson [en ligne], URL : [www.anr-cheval-henson.fr](http://www.anr-cheval-henson.fr) [consulté le 30 octobre 2023]

BAMSHAD, M., et al. (1997). Mutations in human TBX3 alter limb, apocrine and genital development in ulnar-mammary syndrome. *Nat.Genet*, 16, pp.311-315. Disponible sur : <https://www.nature.com/articles/ng0797-311> [consulté le 16 avril 2022]

BONNIN, C. (2011). Gestion de la variabilité génétique chez le cheval de trait poitevin mulassier et le baudet du Poitou. [en ligne]. Mémoire de fin d'étude. AgroSup Dijon, 76p. Disponible sur : <http://www.racesmulassieresdupoitou.com> [consulté le 10 mai 2023]

BERTONI, C. (2000). [en ligne]. Contribution sur le plan génétique à la sauvegarde du Baudet du Poitou. [en ligne]. Mémoire de fin d'études, ENITA de Bordeaux, 80 p. Disponible sur : <http://baudetdupoitou.free.fr/memoire/sommaire.htm> [consulté le 10 mai 2023]

CICHOREK, M., WACHULSKA M., STASIEWICZ, A., TYMINSKA A. (2013). Skin melanocytes: biology and development. *Postepy Dermatol Alergol.*, 30, pp. 30-41. Disponible sur : <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3834696/> [consulté le 15 juin 2023]

CORBIN, L.J., et al. (2020). An Independent Locus Upstream of ASIP Controls Variation in the Shade of the Bay Coat Colour in Horses. *Genes*, 11, pp. 606. Disponible sur : <https://www.mdpi.com/2073-4425/11/6/606> [consulté le 29 octobre 2023]

DEEDRICK, D., KOCH, S. (2004). Microscopy of Hair Part II: A Practical Guide and Manual for Animal Hairs. *Forensic Science Communications*, 6(1). Disponible sur : <https://www.researchgate.net/publication/318753108> [consulté le 15 juin 2023]

DE ROCHAMBEAU, H., CHEVALET, C. (1985). Minimisation des coefficients de consanguinité moyens dans les petites populations d'animaux domestiques. *Genet. Sel. Evol*, 17(4), pp. 459-480. Disponible sur : <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2713977/> [consulté le 13 septembre 2022]

DJELLALI, A., VU TIEN KHANG, J., DE ROCHAMBEAU, H., VERRIER, E. (1994). Bilan génétique des programmes de conservation des races ovines Solognote et Mérinos précoce. *Genet. Sel. Evol*, 26, pp. 255-265. Disponible sur : <https://hal.science/hal-00894067/document> [consulté le 13 septembre 2022]

Filière équine Haut de France [en ligne]. URL : <https://www.chevaux-hauts-de-france.com/10-plan-regional-filiere-equine> [consulté le 9 mars 2022]

HILL, E.W., STOFFEL, M.A., MCGIVNEY, B.A., MACHUGH, D.E., PEMBERTON, J.M. (2022). Inbreeding depression and the probability of racing in the Thoroughbred horse. *Proceedings Biology Science*, 289. Disponible sur : [https://royalsocietypublishing.org/doi/full/10.1098/rspb.2022.0487?rfr\\_dat=cr\\_pub++0pubmed&url\\_ver=Z39.88-2003&rfr\\_id=ori%3Arid%3Acrossref.org](https://royalsocietypublishing.org/doi/full/10.1098/rspb.2022.0487?rfr_dat=cr_pub++0pubmed&url_ver=Z39.88-2003&rfr_id=ori%3Arid%3Acrossref.org) [consulté le 20 août 2023]

IMSLAND, F., et al. (2016). Regulatory mutations in TBX3 disrupt asymmetric hair pigmentation that underlies Dun camouflage color in horses. *Nat. Genet.*, 48, pp. 152-158. Disponible sur : <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4731265/> [consulté le 5 mars 2022]

Institut français du Cheval et de l'Équitation [en ligne]. URL : <https://www.ifce.fr/> [consulté le 15 septembre 2022]

Laboratoire Labeo [en ligne]. URL : <https://www.laboratoire-labeo.fr/wp-content/uploads/2016/12/Tuto-crins.pdf> [consulté le 14 mars 2022]

- MACKOWSKI, M., WODAS, L., BROOKS, S.A., CIESLAK, J. (2019). TBX3 and ASIP genotypes reveal discrepancies in officially recorded coat colors of Hucul horses. *Animal*, 13, pp. 1811–1816. Disponible sur : <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30614426/> [consulté le 25 septembre 2022]
- NASTI, T.H., TIMARES, L. (2015). MC1R, Eumelanin and Pheomelanin: Their Role in Determining the Susceptibility to Skin Cancer. *Photochem. Photobiol.*, 91, pp. 188–200. Disponible sur : <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4299862/> [consulté le 15 octobre 2023]
- PERDOMO-GONZALEZ, D.I., MOLINA, A., SANCHEZ-GUERRERRO, M.J., BARTOLOME, E., VARONA, L., VALERA, M. (2021). Genetic inbreeding depression load for fertility traits in Pura Raza Española mares. *J. Anim. Sci.*, 99. Disponible sur : <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8645228/> [consulté le 16 avril 2023]
- R CORE TEAM (2021). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL : <https://www.R-project.org/> [consulté le 12 septembre 2022].
- Règlement du stud-book du cheval Henson (2019), [en ligne]. Disponible sur : <https://www.ifce.fr/wp-content/uploads/2019/01/SIRE-r%C3%A8glement-Stud-Book-Henson.pdf> [consulté le 30 octobre 2023]
- SLOET VAN OLDRUITENBORGH-OOSTERBAAN, M.M, GRINWIS, G.C.M. (2016). Basics of equine dermatology. *Equine Vet. Educ.* 28, pp. 520–529. Disponible sur : <https://beva.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/eve.12444> [consulté le 30 septembre 2023]
- SLOMINSKI, A., WORTSMAN, J., PLONKA, P.M., SCHALLREUTER, K.U., PAUS, R., TOBIN, D.J. (2005). Hair Follicle Pigmentation. *J. Invest. Dermatol.* 124, pp. 13–21. Disponible sur : <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1201498/> [consulté le 30 septembre 2022]
- SPONENBERG, D.P., BELLONE, R. (2017). *Equine Color Genetics*, 4th edition. Wiley-Blackwell, 337p.
- TWAROG, C. (2017). Particules Janus pour des applications industrielles : stabilités et incorporation de principes actifs [en ligne]. Thèse de Doctorat en Sciences pharmaceutiques, Université de Lorraine, 81 p. Disponible sur : <https://hal.univ-lorraine.fr/hal-01932273> [consulté le 30 octobre 2023]
- WELLMANN, R. (2019). Optimum contribution selection for animal breeding and conservation: the R package optiSel. *BMC Bioinformatics* 20, 25. Disponible sur : <https://bmcbioinformatics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12859-018-2450-5> [consulté le 5 septembre 2022].
- YOSHIDA, H., KUNISADA, T., GRIMM, T., NISHIMURA, E.K., NISHIOKA, E., NISHIKAWA, S.I. (2001). Review: melanocyte migration and survival controlled by SCF/c-kit expression. *J. Investig. Dermatol. Symp. Proc.*, 6, pp. 1–5. Disponible sur : <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11764276/> [consulté le 01 octobre 2022]

# Annexe 1 : REGLEMENT DU STUD-BOOK DU CHEVAL HENSON

Règlement publié le 28 décembre 2019 entrant en vigueur au 1<sup>er</sup> janvier 2019

## Article 1

Le présent règlement fixe les conditions d'inscription au stud-book du cheval Henson ainsi que les normes de qualification applicables aux reproducteurs. Il est établi par la commission du stud-book. L'Institut français du cheval et de l'équitation est chargé de son application.

## Article 2

Le stud-book du cheval Henson comprend :

- 1) Un répertoire des étalons approuvés pour produire dans la race.
- 2) Un répertoire des juments confirmées pour produire dans la race.
- 3) Un répertoire des poulains inscrits à la naissance au stud-book de la race.
- 4) Un répertoire des animaux inscrits à titre initial.
- 5) Une liste des éleveurs naisseurs de chevaux Henson.

Lors de l'édition périodique du stud-book, n'apparaissent que les reproducteurs ayant eu un produit inscriptible au stud-book dans la période de référence.

## Article 3

Sont seuls admis à porter l'appellation Henson, les animaux inscrits au stud-book du cheval Henson.

## Article 4

Les inscriptions au stud-book du cheval Henson se font au titre de l'ascendance ou à titre initial.

## Article 5

### Inscription au titre de l'ascendance

- 1) Est inscrit automatiquement à la naissance au titre de l'ascendance tout produit ayant au moins un parent Henson, né en France et remplissant les conditions suivantes :
  - a) issu d'une saillie régulièrement déclarée d'un étalon approuvé ;
  - b) ayant été déclaré à l'IFCE dans les 15 jours qui suivent sa naissance ;
  - c) ayant été identifié conformément à la réglementation en vigueur ;
  - d) ayant reçu un nom dont la première lettre correspond à l'année de naissance, « J » en 2019 ;
  - e) immatriculé et enregistré au fichier central des équidés qui lui délivre un document d'identification et une carte d'immatriculation.

L'étalon père du produit doit être approuvé pour la production en cheval Henson suivant les conditions fixées par les articles 9 ou 10 du présent règlement.

La jument mère du produit doit être âgée d'au moins 3 ans l'année de la saillie et doit être confirmée pour la production en cheval Henson suivant les conditions fixées par l'article 12 ou inscrite en tant que Facteur de Henson dans les conditions présentes à l'article 13 du présent règlement.

- 2) Sont également inscrits, sur demande du propriétaire, les produits issus de juments confirmées pour produire en race Henson postérieurement à la saillie, ou qualifiées facteur de Henson, nées antérieurement à la confirmation ou l'inscription de leur mère, issus d'un étalon Henson approuvé.
- 3) Dans les mêmes conditions, peuvent être également inscrits tous les animaux nés à l'étranger sur le fondement d'une convention avec l'autorité compétente du pays concerné

## **Article 6 Inscription à titre initial**

Sur demande du propriétaire auprès de l'Association du Cheval Henson, peuvent être inscrits à titre initial pendant une période allant du 1<sup>er</sup> janvier au 31 décembre 2017 les animaux :

- portant l'appellation « Origine Constatée », « Cheval de Selle » ou « Poney »,
- non-inscrits dans un stud-book ou registre officiellement reconnu,
- correspondant au standard de la race fixé à l'annexe I du présent règlement et ayant obtenu un avis favorable de la commission d'approbation et de confirmation,
- enregistrés au fichier central des équidés.

Le propriétaire doit fournir un dossier permettant d'attester que l'animal a eu au moins 3 produits :

- dont les origines sont certifiées,
- jugés, sur la base dudit dossier, comme correspondant au standard de la race Henson fixé à l'annexe I du présent règlement.

La composition de ce dossier est fixée par l'Association du Cheval Henson

Les animaux pour lesquels l'inscription est demandée doivent être présentés à la Commission d'approbation et de confirmation qui statue quant à l'inscription à titre initial après les avoir examinés.

L'inscription à titre initial vaut approbation pour les entiers et confirmation pour les juments.

## **Article 7**

### **Commission du stud-book du cheval Henson**

#### **1) Composition :**

La commission du stud-book se compose de la façon suivante :

- 4 représentants des éleveurs et utilisateurs désignés par le conseil d'administration de l'association du cheval Henson, dont le président ;
- un représentant de l'Association des Cavaliers de la Baie de Somme.

1 représentant de l'IFCE est invité.

Sur l'initiative du président, la commission peut s'adjoindre des experts avec voix consultative.

#### **2) Missions :**

La commission du stud-book du cheval Henson est chargée :

- a) D'établir le, présent règlement et ses annexes.
- b) De définir le programme d'élevage de la race et ses applications et de formuler toute proposition relative à l'amélioration de la race et de sa valorisation.
- c) De se prononcer sur les cas particuliers qui lui sont soumis par l'IFCE.
- d) De tenir à jour la liste des personnes habilitées à juger les animaux.

Elle peut être consultée par le ministre chargé de l'agriculture sur toute question relative à l'élevage des équidés.

#### **3) Règles de fonctionnement :**

La commission se réunit à la demande de son président ou de la majorité de ses membres. La convocation doit être adressée par écrit au moins 15 jours avant la date de réunion. Pour délibérer valablement, la commission doit être composée d'au moins 3 représentants de l'association et d'un représentant de l'Association des Cavaliers de la Baie de Somme. Les décisions sont prises à la majorité des membres présents. Si ses décisions ou recommandations ont un caractère public, les délibérations sont confidentielles.

La commission peut déléguer certains de ses membres pour la représenter pour l'exercice de ses missions.

## **Article 8**

### **Commission d'approbation et de confirmation**

- 1) La commission nationale d'approbation et de confirmation est composée de 3 représentants des éleveurs et utilisateurs désignés par le conseil d'administration de l'association du cheval Henson. 1 représentant de l'IFCE est invité. La commission d'approbation et de confirmation désigne en son sein le président de la commission et le secrétariat est assuré par le représentant de l'IFCE. La voix du président est prépondérante.
- 2) La commission nationale d'approbation et de confirmation examine les chevaux satisfaisant aux conditions d'accès à cette commission. Elle attribue l'approbation du candidat étalon et la confirmation des juments ou leur ajournement. Elle statue sur les demandes d'inscription à titre initial et d'inscription en qualité de facteur de Henson. Les motifs d'ajournement d'un candidat doivent figurer sur le procès-verbal signé de tous les membres de la commission et conservé par l'IFCE. L'ajournement des candidats est prononcé pour une durée inférieure ou égale à un an.
- 3) La commission nationale d'approbation et de confirmation peut demander une contre-expertise concernant le résultat transmis relatif à l'état du gène extension (alezan) et agouti (noir).

## **Article 9 Approbation des étalons Henson**

Pour être approuvés pour produire au sein du stud-book du cheval Henson, les candidats étalons Henson doivent :

- 1) être inscrits au stud-book du cheval Henson ;
- 2) être âgés de 3 ans au moins ;
- 3) avoir leur identité certifiée, leur génotype déterminé, leur carte d'immatriculation à jour ;
- 4) avoir reçu un avis favorable de la commission d'approbation et de confirmation qui examine les candidats suivant les conditions définies en annexe III. La note seuil d'approbation est fixée annuellement par la Commission d'Approbation après consultation de la Commission du Stud-Book ;
- 5) avoir des parents de robe isabelle ou baie et être eux-mêmes de robe isabelle, sans marque blanche autre qu'acquise et pourvus d'une raie de mulet;
- 6) transmettre un résultat concernant l'état du gène extension (alezan) et agouti (noir) et être non-porteurs de l'allèle « e » pour le gène extension ;
- 7) satisfaire aux dispositions sanitaires définies en annexe IV.

Les étalons âgés de 3 ans sont approuvés pour faire la monte à 3 ans, 4 ans et 5 ans. Les étalons âgés de 4 ans sont approuvés pour faire la monte à 4 ans et/ou 5 ans.

Les étalons âgés de 5 ans sont approuvés pour faire la monte à 5 ans et/ou pour faire la monte à partir de 6 ans pour 8 saisons de monte.

Les étalons âgés de 6 ans et plus sont approuvés pour faire la monte pendant 8 saisons de monte. Une prorogation de cette période peut être accordée sur décision de la commission de stud-book.

## **Article 10**

### **Approbation des étalons Facteurs de Henson**

Pour être approuvés pour produire au sein du stud-book du cheval Henson, les candidats étalons Facteurs de Henson doivent :

- 1/ être inscrits dans les registres du poney ou du cheval de selle ou être « d'origine constatée », « selle étranger » ou « origine étrangère » ;
- 2/ être issus de croisements entre un Fjord et les races suivantes :
  - Pur-sang

- Anglo-Arabe
- Selle Français
- Trotteur Français
- Pure Race Espagnole
- Lusitanien
- Quarter Horse

3/ avoir au moins 25 % et au plus 50 % de sang Fjord ;4/ avoir des parents de robe isabelle ou baie ;  
 5/ être eux-mêmes de robe isabelle, sans marque blanche autre qu'acquise et pourvus d'une raie de mulet ;6/ être âgés de 3 ans au moins ;  
 7/ avoir leur identité certifiée, leur génotype déterminé, leur carte d'immatriculation à jour ;  
 8/ transmettre un résultat concernant l'état du gène extension (alezan) et agouti (noir) et être non-porteurs de l'allèle « e » pour le gène extension accompagné par une attestation du vétérinaire certifiant avoir vérifié l'identité de l'animal sur lequel les crins ont été prélevés ;  
 9/ avoir été approuvés suivant les conditions définies en annexe III. La note seuil d'approbation est fixée annuellement par la Commission d'Approbation après consultation de la Commission du Stud-Book ; 10/ satisfaire aux dispositions sanitaires définies en annexe IV.

Les étalons âgés de 3 ans sont approuvés pour faire la monte à 3 ans, 4 ans et 5 ans. Les étalons âgés de 4 ans sont approuvés pour faire la monte à 4 ans et/ou 5 ans.

Les étalons âgés de 5 ans sont approuvés pour faire la monte à 5 ans et/ou pour faire la monte à partir de 6 ans pour 8 saisons de monte.

Les étalons âgés de 6 ans et plus sont approuvés pour faire la monte pendant 8 saisons de monte. Une prorogation de cette période peut être accordée sur décision de la commission de stud-book.

### **Article 11 Nombre de saillies autorisées**

Les étalons de 3, 4 et 5 ans ne peuvent saillir chaque année qu'au plus 10 juments pour la production de Henson. Les étalons de 6 ans et plus ne peuvent saillir chaque année qu'au plus 50 juments pour la production de Henson.

### **Article 12 Confirmation des juments Henson**

Pour pouvoir produire au sein du stud-book du cheval Henson, toute jument Henson doit avoir été confirmée.

La demande de confirmation est adressée à l'association du cheval Henson accompagnée d'une photocopie de la page de signalement du document d'identification et d'un certificat de toisage.

La commission d'approbation et de confirmation attribue la confirmation aux juments inscrites au stud-book du cheval Henson répondant aux conditions suivantes :

- être de robe isabelle ou baie ;
- être pourvues d'une raie de mulet ;
- être d'une taille souhaitée entre 1m50 et 1m60 pour les animaux nés avant le 01/01/2006 ou d'une taille comprise entre 1m50 et 1m60 pour les animaux nés après le 01/01/2006 ;
- transmettre un résultat concernant l'état du gène extension (alezan) et agouti (noir).

Les juments Henson confirmées, avant la publication du présent règlement, le demeurent. Les femelles non



confirmées restent inscrites au stud-book du cheval Henson mais ne produisent pas dans le stud-book.

### **Article 13** **Juments facteurs de Henson**

Peuvent être présentées à la commission d'approbation et de confirmation pour inscription comme facteur de Henson, les juments répondant aux conditions suivantes :

- être âgées de 3 ans et plus,
- être inscrites au registre du poney ou du cheval de selle ou être « d'Origine constatée », « Selleétranger » ou « Origine étrangère » ;
- être issues de croisements entre Fjord et les races suivantes :
  - ◆ Pur-sang
  - ◆ Anglo Arabe
  - ◆ Selle Français
  - ◆ Trotteur Français
  - ◆ Pure Race Espagnole
  - ◆ Lusitanien
  - ◆ Quarter Horse
  
- avoir au moins 25 % et au plus 50 % de sang Fjord ;
- avoir les parents qui sont de robe isabelle ou baie ;
- être elles-mêmes de robe isabelle, pourvues d'une raie de mulet et sans marque blanche aux membres ;
- transmettre un résultat concernant l'état du gène extension (alezan) et agouti (noir) et être non-porteuses de l'allèle « e » pour le gène extension accompagné par une attestation du vétérinaire certifiant avoir vérifié l'identité de l'animal sur lequel les crins ont été prélevés.

La commission d'approbation et de confirmation prononce l'inscription des juments comme facteur de Henson après les avoir examinées conformément aux modalités définies en annexe II. La note seuil d'inscription est fixée annuellement par la commission d'approbation et de confirmation après consultation de la Commission du Stud-Book ;

### **Article 14**

Les produits conçus par insémination artificielle ou/et par transfert d'embryon ne sont pas inscriptibles au stud-book du cheval Henson.

Les produits issus d'une technique de reproduction par clonage ou issus de clone ne sont pas inscriptibles au stud-book du cheval Henson.

### **Article 15**

Les examens d'animaux, l'instruction des dossiers individuels, l'inscription à titre initial ainsi que l'approbation ou la confirmation des reproducteurs peuvent se faire à titre onéreux au profit de l'association du cheval Henson selon un barème établi chaque année par son bureau.

**Annexes :**

***Annexe I : Caractéristiques du cheval Henson***

***Annexe II : Inscription des juments comme facteur de Henson***

**Annexe III : Approbation des étalons Henson ou facteur de Henson**

**Annexe IV : Dispositions sanitaires**

**ANNEXE I CARACTERISTIQUES DU CHEVAL HENSON**

<b>CRITÈRES</b>	<b>CARACTERISTIQUES</b>
TAILLE	La taille se situe entre 1,50 m et 1,60 m
ROBE	Sa robe isabelle, généralement constituée de poils beiges, est plus ou moins foncée, allant du sable au marron. La raie de mulet est obligatoire et certains sujets ont des zébrures aux membres.
CRINS	Ses crins sont bicolores, noirs et or.
TÊTE	Belle tête de taille moyenne, chanfrein droit ou concave, ganaches marquées.
OREILLES	Assez courtes et bien dessinées, plus sombre aux extrémités.
YEUX	Vifs, expression douce. Cernés de noir.
ENCOLURE	De longueur moyenne, bien orientée. Forte base.
POITRAIL	Bien ouvert.
ÉPAULE	Longue, assez inclinée.
DOS	Large et bien soutenu.
MEMBRES	Courts jointés
PIEDS	Larges sans corne blanche
ALLURES	Allures étendues avec un fort engagement des postérieurs

**ANNEXE II**

**INSCRIPTION DES JUMENTS COMME FACTEUR DE HENSON**

1) La demande est adressée à l'association du cheval Henson accompagnée de la photocopie des pages du document d'identification comprenant les origines de la jument et de ses parents, ainsi que son signalement.

L'association du cheval Henson informe les propriétaires des juments remplissant les conditions fixées au présent règlement qu'elles peuvent être présentées à la commission d'approbation et de confirmation.

2) Les juments sont :

- examinées au modèle et toisées
- évaluées sur trois tests de comportement :
  - ◆ donner les quatre pieds
  - ◆ tenir à l'attache
  - ◆ test de soudaineté (mesure de l'émotivité)

Les comportements suivants pourront être considérés comme éliminatoires :

- ◆ mordre
- ◆ taper
- ◆ tirer au renard
- ◆ bousculer le cavalier/présentateur.

Une jument ajournée peut être représentée l'année suivante.

## ANNEXE III

### APPROBATION DES ETALONS HENSON OU FACTEUR DE HENSON

#### *A) Obtention d'une approbation provisoire*

Peuvent être présentés à la commission d'approbation et de confirmation en vue d'une approbation provisoire pour faire la monte à 3, 4 et 5 ans, les mâles Henson ou facteurs de Henson âgés d'au moins 3 ans dont le document d'identification a été validé.

La demande est adressée à l'association du cheval Henson accompagnée d'une photocopie des pages du document d'identification où figurent les origines et le signalement validé du cheval.

L'association du cheval Henson informe les propriétaires des mâles remplissant les conditions fixées au présent règlement qu'ils peuvent être présentés à la commission.

Les candidats sont :

- toisés
- examinés au modèle
- évalués sur trois tests de comportement
  - ◆ donner les quatre pieds
  - ◆ tenir à l'attache
  - ◆ test de soudaineté (mesure de l'émotivité)

Les comportements suivants pourront être considérés comme éliminatoires :

- ◆ mordre
- ◆ taper
- ◆ tirer au renard
- ◆ bousculer le cavalier/présentateur.

Un mâle ajourné peut être représenté l'année suivante.

#### *B) Obtention d'une approbation pour 8 saisons de monte*

Peuvent être présentés à la commission d'approbation et de confirmation en vue d'une approbation pour les 8 saisons de monte qui suivent l'approbation, les mâles Henson ou facteurs de Henson âgés de 5 ans et plus pour faire la monte à partir de 6 ans dont le document d'identification a été validé.

La demande est adressée à l'association du cheval Henson accompagnée de la photocopie des pages du document d'identification où figurent les origines et le signalement du cheval.

Les candidats sont :

- toisés
- examinés au modèle
- évalués sur trois tests de comportement :
  - ◆ donner les quatre pieds
  - ◆ tenir à l'attache
  - ◆ test de soudaineté (mesure de l'émotivité)

Les comportements suivants pourront être considérés comme éliminatoires :

- ◆ mordre
  - ◆ taper
  - ◆ tirer au renard
  - ◆ bousculer le cavalier/présentateur.
- évalués sur deux tests d'aptitudes :

- parcours en terrain varié monté et/ou attelé (sur 8 à 12 obstacles)
- une qualification obtenue sur un concours d'endurance FFE (au minimum une épreuve de 40km courue entre 10 et 12 km/h).

Un mâle ajourné peut être représenté l'année suivante.

### **C/ Labellisation**

Un processus de labellisation des étalons est mis en place pour les étalons approuvés selon le tableau ci-dessous :

<b>Comportement</b>	<b>Modèles et allures</b>	<b>PTV/Endurance</b>	<b>Label</b>
Mini 66%	Mini 80%	Mini 66% et qualifié	Approuvé « Excellence Modèle »
Mini 80%	Mini 66%	Mini 66% et qualifié	Approuvé « Excellence Comportement »
Mini 66%	Mini 66%	Mini 80% et qualifié	Approuvé « Excellence Extérieur »

Si le cheval obtient deux fois 80% ou plus parmi les trois types de tests, il est considéré comme « Elite » La labellisation est obtenue dans le cadre de l'approbation définitive et pourra être publiée par l'Ifce.

## **ANNEXE IV : DISPOSITIONS SANITAIRES**

### **I - Dispositions générales**

Pour être approuvé dans la race Henson, un étalon doit satisfaire aux conditions sanitaires du présent règlement.

La mise à la reproduction d'un étalon qui n'aurait pas satisfait à toutes les conditions sanitaires prescrites, pour produire au sein du stud-book du cheval Henson, engage la responsabilité conjointe du ou de ses propriétaires et de son éleveur.

Les dispositions sanitaires prévues pour les étalons reproduisant en race Henson sont en tous points applicables aux bêtes en train du haras.

Les prélèvements sont réalisés par un vétérinaire sanitaire sur un animal dont l'identité a été vérifiée, conservés dans de bonnes conditions notamment de température, expédiés selon la réglementation en vigueur pour les produits biologiques, dans un délai conforme aux exigences liées à l'analyse, vers un laboratoire agréé ou habilité selon le cas et analysés selon les méthodes autorisées par le ministre chargé de l'agriculture.

### **II - Commission sanitaire**

La commission sanitaire est placée sous l'autorité du président de la commission du stud-book du cheval Henson. Elle est composée de deux vétérinaires désignés respectivement par l'association du cheval Henson et l'IFCE.

La commission sanitaire :

- se prononce sur la régularisation sanitaire des dossiers d'approbation ;
- suspend la monte en race Henson, des sujets concernés consécutivement à la déclaration d'un cas positif de maladie dont le contrôle est inscrit au présent règlement du stud-book ;
- peut s'adjoindre des experts ;
- intervient lors de déclarations d'une des maladies dont le contrôle est inscrit au règlement du stud-book notamment pour aider le vétérinaire sanitaire, pour mener des enquêtes épidémiologiques, pour vérifier que les contrôles prévus sont réalisés, pour proposer le rétablissement de l'autorisation de reproduire et toutes autres mesures jugées pertinentes.

Les décisions prises par la commission sanitaire, notamment la suspension de la monte, sont notifiées par l'IFCE.

En tant qu'organe de suivi épidémiologique de la race, la commission sanitaire est immédiatement informée, de tout résultat positif de maladies dont le contrôle est inscrit au présent règlement, sur un cheval produisant dans la race. Le commanditaire de l'analyse autorise donc implicitement le laboratoire à transmettre ces résultats à la commission sanitaire qui est tenue d'en respecter la confidentialité.

### **III - Dépistage de l'artérite virale**

Chaque étalon fait l'objet, chaque année, d'un contrôle au regard de l'artérite virale. Le dépistage doit être postérieur au 1<sup>er</sup> décembre précédant la saison de monte. Les rapports d'analyse (sérologique ou virologique) sont joints à la demande de cartes de saillie adressée à l'IFCE. En l'absence de rapport d'analyse favorable, les cartes de saillie ne sont pas délivrées.

Le contrôle est effectué selon les modalités allégées suivantes :

- Recherche de l'artérite virale équine, par une épreuve de séro-neutralisation avec résultat négatif à la dilution de 1/4 ou toute autre épreuve sérologique autorisée par le ministre chargé de l'agriculture, avec résultat négatif.
- En cas de résultat positif à cette épreuve sérologique, la recherche virale dans le sperme par biologie moléculaire est effectuée sur un échantillon de sperme total de l'étalon donneur avec résultat négatif.

Le dépistage de l'artérite virale équine est obligatoirement effectué avant chaque monte par une épreuve de séro-neutralisation ou toute autre épreuve sérologique autorisée par le ministre chargé de l'agriculture. Tant que le résultat de cette épreuve sérologique montre une stabilité des anticorps (pas plus d'une dilution d'augmentation par rapport au test sérologique initial), une nouvelle recherche virologique du virus dans le sperme n'est pas obligatoire.

Par dérogation, les étalons valablement vaccinés contre l'artérite virale équine et sans rupture vaccinale ne sont pas soumis aux épreuves sérologique et virologique prévues ci-dessus. Pour être reconnues valables, les vaccinations doivent être réalisées par un vétérinaire selon les prescriptions de l'autorisation de mise sur le marché du vaccin utilisé et après un test sérologique négatif réalisé moins de trente jours avant la date de la première injection vaccinale. En cas de rupture vaccinale, la reprise de vaccination est considérée comme valable après un test virologique sur sperme négatif datant de moins de trente jours.

Les étalons présentant une épreuve virologique (recherche du virus ou de ses composants) positive sont reconnus excréteurs et ne sont pas autorisés à faire la monte. Toutefois, une dérogation peut être accordée, par le président de la commission de stud-book sur avis de la commission sanitaire sous réserve que la souche virale ne soit pas considérée comme pathogène par le laboratoire national de référence en la matière et sous réserve du respect d'un protocole technique garantissant la non-diffusion du virus et limitant la monte à un harem fermé.

En cas de résultat virologique positif, les propriétaires des doses de semence éventuellement produites depuis la dernière analyse négative en sont informés. Ils sont tenus de détruire ces doses ou de s'assurer avant insémination de l'absence de virus ou de ses composants dans celles-ci.



## Annexe 2 : Premier Plan Régional Filière Équine 2019-2022

La Région et le Conseil des Chevaux s'engagent pour développer la filière cheval en Hauts-de-France.

La Région Hauts-de-France s'investit toujours plus pour la filière équine. Dans cette perspective, elle a voté, lors de la Séance Plénière du 24 septembre 2019, un nouveau plan ambitieux pour développer et faire rayonner le cheval et ses usages.

Un plan d'action à six leviers co-construit par la Région Hauts-de-France et le Conseil des Chevaux, représentant la filière équine dans les Hauts-de-France, le Plan Régional Filière Équine vise à apporter des aides structurantes à la filière régionale très diverse. Cheval de courses, cheval sport et loisirs, cheval de trait et de travail : tous sont concernés. Ce plan stratégique de développement et rayonnement du cheval et de ses usages repose sur six objectifs à mettre en œuvre en réponse aux principaux besoins exprimés par la filière :

1. Structurer et organiser la filière ;
2. Affirmer le positionnement des Hauts-de-France comme territoire équin de référence ;
3. Favoriser les projets de développement des acteurs économiques et territoriaux ;
4. Renforcer l'élevage régional (préservation, montée en qualité, débouchés économiques) ;
5. Accroître le recours aux énergies renouvelables ;
6. Faire de la zone Hauts-de-France / Wallonie / Vlaanderen un territoire leader en Europe du « cheval toutes disciplines ».

L'emploi et l'élevage sont au cœur du plan conformément aux priorités de la Région en faveur de l'emploi, ce plan s'attache particulièrement à renforcer l'impact du cheval sur l'économie, l'emploi et la formation. Il permettra de favoriser les projets de développement des acteurs économiques et territoriaux, avec notamment un soutien ciblé sur des besoins clés (aide à la création d'entreprises, aides à l'investissement, développement du tourisme équestre). La Région veillera à ce que l'offre et la demande d'emploi dans la filière équine en Hauts-de-France se rencontrent dans de bonnes conditions. Quant à l'élevage, il s'agira de valoriser l'élevage régional avec des aides directes sous conditions aux propriétaires de chevaux et éleveurs, un soutien aux associations d'éleveurs et de propriétaires, la création de labels qualité. La sauvegarde et valorisation des races locales de trait (cheval Boulonnais et cheval Trait du Nord) sera notamment actionnée via l'expérimentation du « cheval territorial » : une aide jusqu'à 25000 euros pour soutenir les projets d'activités touristiques et loisir autour des races locales, ainsi que les projets au service des collectivités à l'aide de l'énergie cheval, et donc développer de nouveaux débouchés économiques.

La filière cheval en Hauts-de-France, un fort enjeu de développement la filière équine est un enjeu de développement fort en termes économiques avec un vivier d'emplois directs et indirects, ainsi qu'en terme de rayonnement du territoire avec les activités hippiques, sportives et culturelles. La Région soutient les manifestations sportives de niveaux international et national sous conditions, et l'organisation des événements de promotion de la filière. Avec ses 53759 équidés, la filière équine est importante pour l'ensemble du territoire : elle fait vivre 3100 entreprises, avec à la clé 7730 emplois directs et indirects (établissements équestres, éleveurs, cavaliers professionnels, vétérinaires, sociétés de courses, commerces spécialisés...) et un chiffre d'affaire annuel de 405 millions d'euros dans les diverses activités, en augmentation de +5,7% entre 2009 et 2014. Plus de 67000 licenciés pratiquent l'équitation dans les 1022 établissements équestres régionaux. Par ailleurs la région des Hauts-de-France bénéficie de plusieurs sites équestres profitant d'une renommée internationale, que ce soit dans le milieu des courses ou du sport.





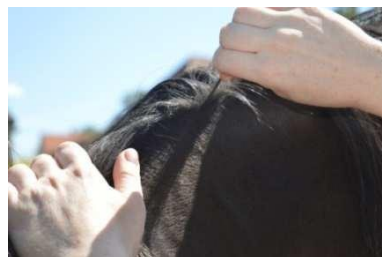
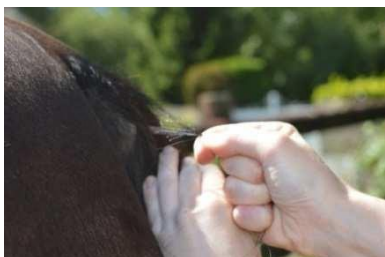
## Annexe 3 : Protocole de prélèvements de crins du laboratoire Labéo

### Tutoriel pour le prélèvement des crins



1/ Avant l'arrachage, il est nécessaire de s'assurer de la propreté des crins afin d'éviter tout contaminant extérieur. Préférer l'arrachage manuel à l'utilisation du peigne qui peut être source de contamination.

2/ Les crins peuvent être prélevés soit au niveau de la queue du cheval, soit au niveau de la crinière. Les crins situés à la base de la queue sont souvent plus simples à arracher et contiennent généralement plus de matériel génétique. **Surtout ne pas couper les crins !**

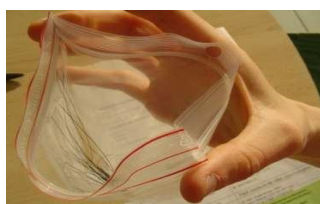


3/ Prélever au minimum une trentaine de crin en tirant doucement.

4/Vérifier la présence des bulbes pilifères (follicule pileux), partie du crin dans laquelle se situent les cellules qui portent l'information génétique.



5/ Placer ceux-ci dans le sachet prévu à cet effet, remplir la demande d'analyse associée et glisser celle-ci dans la pochette à l'avant du sachet.



6/ Glisser le tout dans une enveloppe prévue à cet effet.

**7/ Attention, si vous avez plusieurs Chevaux à prélever à la suite, bien se nettoyer les mains afin d'éviter de polluer les seconds prélèvements avec des poils du premier. Un seul poil peut suffire pour fausser les analyses !**

Pôle d'analyses et de recherche de Normandie

LABÉO Frank Duncombe - 1, route de Rosel - Saint-Contest - 14 053 CAEN Cedex 4 - Tél. 02 31 47 19 19 - Fax. 02 31 47 19 00 - lfd@laboratoire-labeo.fr  
Laboratoire agréé par les ministères de l'Agriculture\*, de la Santé\*, de l'Environnement\* et de l'Économie\*. \*Portée de l'agrément, voir site internet de ces ministères.  
Accréditations COFRAC N° 1-5684 et N° 2-5687. Portée disponible sur [www.cofrac.fr](http://www.cofrac.fr)



## Annexe 4 : Résultats de génotypage des soixante-six chevaux testés, classés par date de naissance

Les cases grisées correspondent à des propositions de génotypes établies selon la robe enregistrée à l'IFCE et le règlement du stud-book du cheval Henson stipulant que les étalons approuvés ne doivent pas être porteurs de l'allèle *e*. Les individus surlignés en jaune sont des étalons reproducteurs encore actifs.

MP : marques primitives, F : femelle, M : mâle, H : hongre

Individu	Race	Année de naissance	Sexe	Extension	Agouti	Dun	Robe d'après génotype	Robe enregistrée IFCE
1	Henson	1992	H	E/e	a/a	D/nd2	Grullo	Gris
2	Henson	1998	H	E/e	a/a	D/D	Grullo	Isabelle
3	Henson	1998	M	E/E	A/A	D/nd2	Bai dun	Isabelle
4	Henson	1999	M	E/E	A/A	D/nd2	Bai dun	Isabelle
5	Henson	1999	F	E/E	A/A	D/nd1	Bai dun	Isabelle
6	Henson	1999	F	E/e	A/A	nd2/nd2	Bai	Isabelle
7	Henson	2000	M	e/e	A/a	D/D	Red dun	Alezan
8	Henson	2000	F	E/e	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
9	Henson	2001	F	E/E	A/A	D/nd1	Bai dun	Isabelle
10	Henson	2003	F	E/e	A/A	D/nd2	Bai dun	Isabelle
11	Henson	2005	M	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
12	Henson	2005	F	E/E	A/A	D/nd2	Bai dun	Isabelle
13	Henson	2005	F	E/E	A/A	D/nd2	Bai dun	Isabelle
14	Henson	2005	H	E/e	A/A	nd1/nd2	Bai avec MP	Bai
15	Henson	2006	M	E/E	A/-	D/D	Bai dun	Isabelle
16	Henson	2008	F	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
17	Henson	2009	F	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
18	Henson	2010	M	E/E	A/-	D/nd2	Bai dun	Isabelle
19	Henson	2011	H	E/E	A/A	nd1/nd1	Bai avec MP	Isabelle
20	Henson	2012	F	E/E	A/a	D/nd2	Bai Dun	Isabelle
21	Henson	2013	H	E/e	A/A	nd1/nd2	Bai avec MP	Bai
22	Henson	2014	F	E/-	A/-	D/D	Bai dun	Isabelle
23	Henson	2015	F	E/-	A/-	D/nd2	Bai dun	Isabelle
24	Henson	2015	M	E/E	A/A	D/nd2	Bai dun	Isabelle
25	Henson	2015	M	E/E	A/-	D/nd2	Bai dun	Isabelle
26	Henson	2016	M	E/E	A/-	D/nd2	Bai dun	Isabelle
27	Henson	2016	F	E/-	A/-	D/nd2	Bai dun	Isabelle
28	Henson	2017	F	E/e	A/A	D/nd2	Bai dun	Isabelle
29	Henson	2017	M	E/E	A/A	D/nd1	Bai dun	Isabelle
30	Henson	2017	F	E/e	A/a	D/D	Bai dun	Isabelle
31	Henson	2017	F	E/E	A/a	D/D	Bai dun	Isabelle
32	Henson	2017	F	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
33	Henson	2017	M	E/E	A/-	D/nd2	Bai dun	Isabelle
34	Henson	2017	F	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
35	Henson	2017	F	E/e	A/A	D/nd2	Bai dun	Isabelle
36	Henson	2018	F	E/E	a/a	D/nd1	Grullo	Souris
37	Henson	2018	F	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
38	Henson	2018	M	E/E	A/a	D/D	Bai dun	Isabelle
39	Henson	2018	M	E/E	A/A	D/nd2	Bai dun	Isabelle
40	Henson	2018	F	E/e	A/A	nd1/nd2	Bai avec MP	Isabelle
41	Henson	2018	M	E/E	A/a	nd2/nd2	Bai	Bai
42	Henson	2018	F	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
43	Henson	2018	M	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
44	Henson	2018	M	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
45	Henson	2018	M	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
46	Henson	2018	F	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
47	Henson	2018	F	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
48	Henson	2018	M	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
49	Henson	2018	M	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
50	Henson	2018	F	E/E	A/a	D/D	Bai dun	Isabelle
51	Henson	2018	M	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
52	Henson	2018	F	E/E	a/a	nd2/nd2	Noir	Isabelle
53	Henson	2019	M	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
54	Henson	2019	F	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
55	Henson	2019	F	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
56	Henson	2019	F	E/E	A/A	D/nd2	Bai dun	Isabelle
57	Henson	2019	F	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
58	Henson	2019	F	E/E	A/A	D/nd2	Bai dun	Isabelle
59	Henson	2019	F	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
60	Henson	2019	F	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
61	Henson	2019	F	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
62	Henson	2019	F	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle
63	Henson	2019	F	E/E	A/a	D/D	Bai dun	Isabelle
64	Henson	2019	F	E/E	A/a	D/D	Bai dun	Isabelle
65	Henson	2019	F	E/E	A/A	D/nd2	Bai dun	Isabelle
66	Henson	2019	F	E/E	A/A	D/D	Bai dun	Isabelle





# COULEUR DE LA ROBE CHEZ LE CHEVAL HENSON : CORRELATION GENOTYPE-PHENOTYPE ET GESTION DES ACCOUPLEMENTS

---

Auteur

---

RIVET Adélaïde

Résumé

---

Le cheval Henson, caractérisé par sa robe bai dun, est une race à petit effectif dont les principaux défis aujourd'hui sont de préserver son standard tout en conservant une variabilité génétique suffisante, malgré le faible nombre d'étalons reproducteurs actifs. Dans le but d'assister les éleveurs dans leurs démarches de conservation, nous avons réalisé une étude génotypique et phénotypique permettant d'identifier les allèles responsables du phénotype désiré bai dun et les allèles indésirables à éliminer de la population. Par la suite, nous avons proposé aux éleveurs de chevaux Henson un plan d'accouplement basé sur la parenté des individus reproducteurs entre eux, leur permettant de guider leurs choix de croisements à l'avenir, afin de favoriser le brassage génétique et d'éviter une augmentation délétère de la consanguinité dans la population de chevaux Henson.

Mots-clés

---

Génétique, Equine, Reproduction, Couleur, Poil, Consanguinité

Jury

---

Président du jury : Pr CALENDER Alain

Directeur de thèse : Pr ABITBOL Marie

2ème assesseur : Pr CHALVET-MONFRAY Karine