

GENETIQUE ET AMELIORATION GENETIQUE (TSEII-LPEII)

Chargé de cours : KONDIGUEL KOULATOLOUM (Martial)

Master en Productions Animales

Master en Biologie des Organismes Animaux

ANNEE ACADEMIQUE : 2025-2026

Chapitre 0 : Terminologies

- ▶ **ADN (acide désoxyribonucléique):** L'ADN est l'information biologique codée sous la forme d'une séquence de nucléotides. C'est une double hélice formée de deux chaînes nucléotidiques maintenues ensemble par un appariement complémentaire de A avec T et de G avec C.
- ▶ **Allèle:** Ce sont les différentes formes d'un gène qui peuvent exister au niveau d'un même locus.
- ▶ **Génétique:** C'est l'étude des gènes et de l'hérédité.
- ▶ **Nucléoles :** Ce sont des organites intranucléaires qui contiennent de l'ARN ribosomal qui est un composant important des ribosomes.
- ▶ **Gène :** C'est l'élément physique et fonctionnel de l'hérédité qui transmet une information d'une génération à la suivante.
- ▶ **Cellules somatiques :** Ce sont des cellules autres que les cellules germinales qui forment le corps d'un organisme.
- ▶ **Allo-fécondation : C'est la fécondation croisée**
- ▶ **Centromère:** C'est la région de chromosome à laquelle s'attachent les fibres du fuseau.
- ▶ **Autosomes :** Ce sont des chromosomes qui ne sont pas sexuels. Ils sont identiques chez les deux sexes. **Exemple :** drosophile 3 autosomes et 1 paire de chromosomes sexuels. Chez l'homme il y a 22 paires d'autosomes.
- ▶ **Centrosome :** C'est une structure qui forme les fibres
- ▶ **Dominance :** C'est la propriété d'un allèle dont l'expression détermine le phénotype
- ▶ **Caractère :** On appelle caractère, tout paramètre observé d'une cellule ou d'un individu (taille, couleur, forme etc). On dit qu'un caractère est génétique quand il est transmissible d'une génération à l'autre selon les lois de l'hérédité.
- ▶ **Dihybridisme :** C'est un croisement qui fait intervenir deux couples d'allèles (2 gènes)
- ▶ **Caryotype :** C'est l'arrangement/représentation ordonnée de l'ensemble des chromosomes d'une cellule par paire en fonction de la taille, de la forme et de la position du centromère. Il est caractéristique de chaque espèce vivante.
- ▶ **Chromosome:** Un arrangement linéaire (ou circulaire) de gènes et d'autres types d'ADN dans le noyau d'une cellule, parfois associé à des protéines et de l'ARN qui porte des gènes
- ▶ **Chromatine:** Substance constituant les chromosomes; d'ADN, de protéines et d'ARN chromosomiques qui est basée sur la coloration formant le matériel génétique des cellules eucaryotes. On distingue deux types de chromatines: l'hétérochromatine (coloration dense) et l'euchromatine (faiblement colorée).

- ▶ **Eucaryotes** : ensemble des organismes unicellulaires ou multicellulaires dont les cellules possèdent un noyau délimité par des membranes.
- ▶ **Prokaryotes** : Par opposition aux eucaryotes, ce sont des organismes unicellulaires qui ne possèdent pas de noyau et dont le génome réside dans une seule molécule d'ADN bicaténaire (double hélice) circulaire.
- ▶ **Génome** : C'est l'ensemble de l'information génétique d'un organisme (chromosomes et gènes) contenu dans chacune de ses cellules sous formes de chromosomes (Exception : Certains virus ont leur génome porté par l'ARN).
- ▶ **Holandriques**: gènes portés par Y dont les caractères ne s'expriment que chez le mâle
- ▶ **Cellules germinales** : Sont des cellules susceptibles de donner un gamète (spermatozoïde ou ovocyte).
- ▶ **Génétique formelle**: C'est l'étude de la transmission des caractères héréditaires.
- ▶ **Homozygote** : Cellule ou organisme qui possède deux allèles identiques pour chacun des gènes considérés (A//A ou a//a)
- ▶ **Locus** : C'est la position d'un gène
- ▶ **Mutation** : altération de la séquence d'ADN, transmissible. Elle est une source de variations génétiques et est la principale cause de l'évolution des espèces.
- ▶ **Monohybridisme** : quand les deux souches parentales ne diffèrent que par les allèles d'un seul gène.
- ▶ **Organisme diploïde (2n)** : organisme qui possède deux jeux complets de chromosomes homologues et qui possède deux allèles de chaque gène.
- ▶ **Organismes haploïdes(n)** : ne contiennent qu'un seul allèle de chaque gène dans leurs cellules.
- ▶ **Organisme hétérozygote** : C'est une cellule ou un organisme qui possède deux allèles différents pour chacun des gènes considérés : A//a
- ▶ **Phénotype** : C'est l'ensemble des caractères visibles d'une cellule ou d'un organisme en tant que résultat de l'expression du génotype dans un environnement donné.
- ▶ **Polyhybridisme**: quand les souches parentales diffèrent de deux ou plusieurs loci.
- ▶ **Récessivité** : est la propriété d'un allèle dont l'expression n'apparaît pas dans le phénotype.
- ▶ **Souche pure ou lignée pure** : il s'agit d'organismes homozygotes pour la quasi-totalité de leurs loci. On fabrique une souche pure par autofécondation au fil des générations (évitant le brassage génétique.)

A. GENETIQUE

Chapitre I. Généralités sur l'hérédité

Introduction

Dans une même espèce tous les animaux (êtres) se ressemblent du fait de leur patrimoine biologique et héréditaire commun. De ce qui précède, on peut constater diverses diversités qui sont à l'origine du non ressemblance des individus de même espèce et de même race domestique qui ne sont pas absolument identiques. Les parents et leurs progénitures se ressemblent sans pour autant en être une copie conforme. Ceci s'explique par la manière dont le maintien dans une population et la transmission des gènes et des unités de base de l'hérédité d'une génération à la suivante.

La génétique est une science de l'hérédité (ensemble des propriétés transmises par ses parents à un organisme vivant et gouvernées par des éléments cellulaires appelés gènes) qui étudie les cellules de l'hérédité, le génome (ensemble du matériel génétique d'un individu codé dans son ADN à l'exception de certains virus dont le génome est porté par de l'ARN), sa transmission entre les générations et son expression dans les caractères d'un individu. Elle a été divisée en trois domaines principaux :

- ✓ La génétique de la transmission étudie les principes de bases de l'hérédité, la façon dont les caractères sont transmis d'une génération à la suivante. Elle s'intéresse à la relation entre chromosomes et l'hérédité, à l'arrangement des gènes sur les chromosomes et à leur cartographie. Le centre d'intérêt en est l'organisme individuel : comment il hérite de son bagage génétique et transmet ses gènes à la génération suivante ;
- ✓ La génétique moléculaire s'intéresse au gène et aux processus cellulaires qui mènent à l'expression de l'information génétique (comment l'information génétique est encodée, répliquée et exprimée). Elle étudie les processus cellulaires de réPLICATION (production de deux molécules d'ADN ayant la même séquence), de transcription (Synthèses de l'ARN à partir d'une séquence d'ADN qui a lieu dans le noyau des cellules, cytoplasme des bactéries et des mitochondries) et de traduction ('synthèse des protéines d'une cellule à partir d'un message d'ARN) par lesquels l'information est transférée d'un type de molécule à un autre et la régulation des gènes et les processus qui contrôlent l'expression de l'information génétique. La génétique moléculaire se concentre sur le gène : sa structure, son organisation et sa fonction ;
- ✓ **La génétique des populations** étudie la composition génétique de groupes d'individus d'une même espèce (populations) et les changements de cette composition au cours du temps et selon la localisation géographique.

L'hérédité est le passage des caractères des individus parentaux à leur descendance. La variabilité est la possibilité qu'a une information génétique transmise d'être modifiée par des agents divers (agencement au hasard du patrimoine génétique paternels et maternels et les mutations au sens large).

I. Matériel génétique

Le matériel héréditaire d'un animal est contenu dans les noyaux des cellules de son organisme, et plus précisément dans les chromosomes qui sont chacun construits autour d'une longue chaîne double d'acide désoxyribonucléique (l'ADN) qui contient, sous une forme codée, l'information génétique transmise d'une génération à la suivante.

1.1. Chromosomes

Ce sont les supports du matériel génétique, situés dans les noyaux des cellules eucaryotes. Chaque chromosome contient une seule molécule d'ADN composé chimiquement d'un groupement phosphate ; d'un sucre en C5, le désoxyribose, qui donne son nom à l'ADN ; et quatre bases azotées dont l'adénine (A), la cytosine (C), la guanine (G) et la thymine (T)). Les deux chaînes sont associées par des liaisons transversales des bases complémentaires deux à deux : adénine-thymine (A-T) et cytosine-guanine (C-G). Chaque chaîne ou simple brin d'ADN est complémentaire de l'autre. Dans les cellules ordinaires ou somatiques, ils sont présents par paires de chromosomes homologues, formant des cellules diploïdes. Ainsi, les cellules somatiques ont $2n$ chromosomes, n étant le nombre de paires. Leur nombre et leur taille sont caractéristiques de chaque espèce. Dans chacune des cellules d'un organisme vivant, à l'exception notable des gamètes, chaque chromosome existe en deux exemplaires, appelés chromosomes homologues. Le nombre de chromosomes présents est alors dit diploïde.

Espèces	Nombre de chromosomes	Nombre de paire
Humains	46	23
Chevaux	64	32
Bovins et caprins	60	30
Ovins	54	27
Porcs	38	19
Poules	78	39

Deux types de chromosomes existent chez les espèces sexuées :

- ✓ Les autosomes qui sont des chromosomes d'une paire, identiques par la taille et la forme au nombre de $2n-2$;
- ✓ Les hétéronomes ou chromosomes sexuels qui constituent une paire de chromosomes différents (X et Y), ou Z (Z) détermine le sexe mâle chez les mammifères et le sexe femelle chez les oiseaux.

1.2. Acide Désoxyribonucléique (ADN)

Chaque chromosome est constitué d'une molécule d'ADN formant un filament de chromatine. L'ADN est contenu une unité élémentaire appelée nucléotide qui est constituée d'un acide, d'un sucre et une base azotée dont l'Adénine (A), la Cytosine (C), la Guanine (G) et la Thymine (T). La molécule d'ADN est organisée en deux chaînes de nucléotides enroulées en

double hélice. Elles sont tenues ensembles par des liaisons entre les bases complémentaires A-T ou C-G. L'arrangement successif des quatre bases azotées d'une séquence nucléotidique sur le chromosome constitue l'information génétique portée par un gène.

On appelle locus, toute position occupée par une séquence d'ADN sur un chromosome : c'est la position d'un gène. Sur un locus donné, différentes séquences d'ADN peuvent représenter beaucoup de gènes qu'on peut appeler allèles qui sont responsables de la même fonction qui s'exprime de façon différente selon les gènes. Exemple, le locus de la patte des poulets peut être occupé par l'un des deux allèles : C pour la patte longue et c pour la patte courte.

L'ensemble des allèles (au moins deux différents) susceptibles d'occuper un même locus s'appelle une série allélique.

Dans une cellule diploïde, le même locus situé sur 2 chromosomes homologues peut être occupé par :

- ✓ 2 allèles identiques si l'individu est homozygote au locus ;
- ✓ 2 allèles différents si l'individu est hétérozygote au locus.

Exemple : Le locus de plumage à deux allèles. Deux formes de génotypes sont possibles :

- ✓ Deux génotypes homozygotes représentés par P//P ou p//p ;
- ✓ Un seul génotype hétérozygote P//p.

II. Expression du matériel génétique

L'expression des gènes aboutit à la synthèse de protéines qui peuvent être de structure (protéines musculaires ...) ou fonctionnelles (hormones, neurotransmetteurs ...) chargées d'organiser l'activité des cellules ou des organes. On distingue deux étapes :

- ✓ La transcription de l'ADN en ARNm ;
- ✓ La traduction de l'ARNm en synthèse d'une protéine.

2.1. Transcription de l'ADN en ARNm

Le code génétique porté par un gène est « emprisonné » dans son noyau. Il nécessite la synthèse d'un messager chargé de transmettre son information génétique jusqu'aux organites du cytoplasme de la cellule animale, lieu de la synthèse protéique. La séquence nucléotidique du gène est ainsi transcrète en Acide Ribonucléique messager ARNm qui migre hors du noyau.

Formé d'un seul brin, l'ARNm est complémentaire de la séquence du brin d'ADN correspondant à un gène. Ses bases complémentaires sont celles de l'ADN : C ---> G et G--->C mais T est remplacée par l'Uracile (U), d'où la transcription A ---> U et T ---> A

Le principe de base est qu'un gène est transcrit en un ARNm, qui est à son tour traduit en une protéine responsable de l'expression d'un caractère. Certaines parties de l'ADN sont lues spécifiquement selon les cellules ou les tissus.

Exemple : Une cellule de la peau ne fonctionne pas de la même manière qu'une cellule musculaire.

2.2. Traduction de l'ARNm en protéine

Elle se fait par les ribosomes par la synthèse des protéines. C'est la correspondance de la lecture du code génétique, par séquences de 3 nucléotides (lecture par triplets), à l'insertion d'un acide aminé correspondant dans la chaîne protéique synthétisée.

A la fin de la traduction, la protéine peut encore subir des modifications entraînant une multiplication de ses variants synthétisés.

III. Division cellulaire

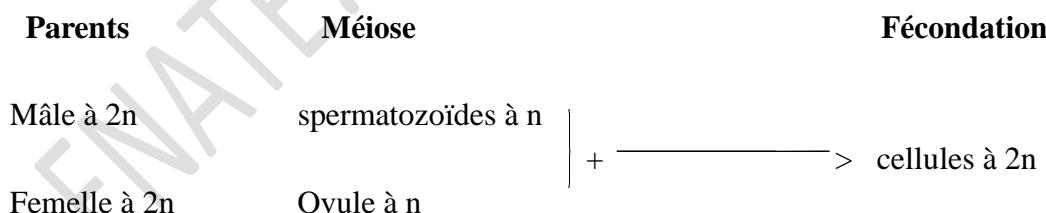
Une seule cellule unique est à l'origine de la vie. L'œuf qui est fécondé comporte un nombre diploïde de chromosomes. Au moment de la division, une copie exacte et complète de l'équipement chromosomique du zygote est partagée à chaque cellule fille la rendant identique à la cellule mère : c'est la mitose. Le même processus se répète à chaque fois que des cellules se divisent pour former les différents tissus et organes d'un organisme animal. Juste avant chaque division, les chromosomes se dédoublent ; les paires dédoublées se séparent ensuite, chacune des deux cellules filles héritant d'une paire de chaque type de chromosome.

Toutes les cellules de l'organisme contiennent ainsi exactement le même équipement (diploïde) de chromosomes, quel que soit son emplacement dans l'organisme.

3.1. Formations des gamètes et fécondation

La formation des gamètes (spermatozoïdes ou des ovules), obéit à un processus particulier. C'est la division cellulaire qui, au cours de cette formation, permet d'avoir de moitié le nombre de chromosomes (n chromosomes, au lieu de $2n$) ; c'est la méiose. Le nombre de chromosomes présents dans les gamètes est dit haploïde. Les deux chromosomes homologues de chaque paire sont répartis de manière purement aléatoire entre les gamètes (première loi de Mendel). Ainsi tous les spermatozoïdes ou tous les ovules d'un individu auront le même nombre haploïde de chromosomes mais n'auront pas la même combinaison de gènes.

On parle de la fécondation lorsqu'un spermatozoïde et un ovule se rencontrent et fusionnent. Chaque gamète apporte un nombre haploïde (n) de chromosomes au zygote (l'œuf fécondé), qui contient par conséquent une série de chromosomes provenant du spermatozoïde (les chromosomes paternels) et une série homologue de chromosomes issus de l'ovule (les chromosomes maternels). Le zygote présente donc le nombre normal, diploïde ($2n$), de chromosomes caractéristique de chaque espèce.



$$\begin{array}{ccc} \text{Fécondation (2n)} & : & \text{Spermatozoïde} + \text{Ovotide} = \text{Œuf fécondé} \\ \text{F} & : & 23 \text{ chromosomes} + 23 \text{ chromosomes} = 46 \text{ chromosomes.} \end{array}$$

La fécondation entre deux espèces donne de produits hybrides qui sont généralement stériles.
Exemple : La fécondation d'une jument par un âne donne un mulet qui est un produit stérile.

3.2. Détermination de sexes

3.2.1. Chez les mammifères

Le sexe de chaque individu est déterminé par une paire de chromosome. Chez la femelle, chaque paire est formée par deux chromosomes homologues d'apparence identique, XX. Chez le mâle, cette paire est constituée de deux chromosomes différents dont l'un est X et l'autre Y. Après la fusion des gamètes, les zygotes qui possèdent deux chromosomes X (XX) deviendront des femelles tandis que ceux qui possèdent un chromosome X et un chromosome Y (XY) deviendront des mâles.

3.2.2. Chez les oiseaux

Chez les oiseaux, la situation est inversée. La paire des chromosomes homologues (ZZ) est portée par le mâle et celle des chromosomes différents (ZW) par la femelle. Chez certaines espèces, Le chromosome W est absent et la femelle a un seul chromosome (Z-).

Chapitre II : Génétique qualitative et intérêts en sciences agronomiques

Définition

La génétique qualitative est la branche de la génétique qui étudie l'expression et la transmission des gènes codant pour les caractères qualitatifs (Mendéliens).

I. Expression et interactions entre gènes allèles et non allèles

Les mécanismes qui interviennent dans l'expression du matériel génétique sont à l'origine d'une diversité des modes d'expression des gènes.

1.1. Gènes et caractères, génotypes et phénotypes

Sur chaque chromosome, il existe des unités appelées gènes qui sont responsables de la transmission héréditaire. Ils agissent en synergie avec l'environnement pour la détermination des caractéristiques de l'individu.

Un gène est un segment d'ADN qui intervient dans la synthèse d'une protéine. Chaque chromosome contient une seule molécule d'ADN organisée en deux chaînes de nucléotides, enroulées en double hélice.

Les protéines sont constituées divers éléments biochimiques appelés polypeptides. Une protéine peut être formée d'un ou plusieurs polypeptides. Chaque polypeptide est à son tour composé d'une suite très précise d'acides aminés qui sont des petites unités structurelles biochimiques.

Le phénotype d'un individu est le résultat de l'action conjointe, exprimée, de l'ensemble de ses gènes et de l'environnement. Les gènes qui contribuent au phénotype constituent ensemble le génotype de l'animal.

Comme les chromosomes existent en deux exemplaires, il en va de même des gènes.

On appelle phénotype l'ensemble des caractéristiques d'un individu.

Et le génotype est l'information contenue dans le patrimoine génétique.

1.2. Mutation, allèles, homozygotie et hétérozygotie

On appelle mutation, toute altération héréditaire de la séquence de base de l'ADN. Elle constitue la seule nouvelle source de variation.

Elle peut être naturelles (rare), ou provoquées (toxines) et affectent plus fréquemment les régions non codantes.

Les gènes d'un locus donné agissent sur un caractère précis. Lors d'un processus de réPLICATION de l'ADN, les mutations apparaissent à la suite d'erreurs entraînant une modification de cette molécule. Si ces modifications apparaissent à l'intérieur des cellules sexuelles, où se forment les gamètes, la version modifiée tout comme la version originale du gène est susceptible d'être transmise à la descendance.

Ces différentes versions d'un même gène au même locus sont appelées allèles.

Dans une population un gène peut avoir plusieurs allèles, mais chaque individu ne peut en détenir plus de deux : un sur chaque chromosome d'une paire de chromosomes homologues, au même locus. Divers allèles d'un gène ont des effets biochimiques qui se diffèrent légèrement mais pas une action différente sur le caractère qu'ils influencent.

On appelle Homozygote pour un allèle, lorsque les deux chromosomes homologues portent le même allèle. Par ailleurs, s'ils portent deux allèles différents, l'individu est dit hétérozygote.

Exemple : Prenons deux allèles A₁ et A₂ d'un gène donné, les individus A₁A₁ et A₂A₂ sont homozygotes et les individus A₁A₂ sont hétérozygotes.

Exemple : Supposons qu'une information sur la couleur des yeux se trouve sur la 1^{ere} paire de chromosome, alors chaque chromosome homologue, aura au même endroit, la même information :

- ✓ Pour un individu dont les parents ont la même robe (couleur blanche par exemple), alors leur progéniture est homozygote et aura la robe blanche;
- ✓ Par contre, si les deux parents apportent deux robes différentes telles que la robe grise et la robe froment, le petit est hétérozygote et la couleur de sa robe (son phénotype) va dépendre des règles de dominance entre les caractères (gris et froment) : seul le caractère dominant va s'exprimer.
- ✓ Pour le génotype homozygote (gris-gris), le phénotype est gris ;
- ✓ Pour le génotype hétérozygote (gris-froment), le phénotype est celui qui domine.

1.3. Allèles dominants, allèles récessifs, codominance, superdominance et effets additifs des gènes

1.3.1. Allèles dominants et récessifs

Le croisement de deux souches pures parentales entre elle, donne un diploïde qui présente un des deux phénotypes parentaux. Ce phénotype parental qui s'affiche est alors dit dominant sur l'autre. Le phénotype parental qui disparaît en F1 est dit récessif vis-à-vis de celui qui est dominant.

Un gène dominant masque l'expression d'un allèle récessif. Par convention d'écriture, le gène dominant est écrit en majuscule et le gène récessif en minuscule.

Exemple : Pour un locus à 2 allèles G et g nous obtenons:

- ✓ Trois génotypes possibles G//G, G//g, et g//g ;
- ✓ Deux phénotypes [G] [g]

La dominance s'observe chez l'hétérozygote, dont le phénotype correspond à l'expression du gène dominant.

Le fait qu'un allèle soit dominant ou récessif par rapport à un autre peut avoir plusieurs raisons:

Exemple : Chez les poules les gènes de couleur de la peau (W pour la couleur blanche ou w pour la couleur jaune, permettent d'adapter la présentation des poulets de chair aux attentes du consommateur. L'allèle W déterminant la couleur blanche domine le développement de l'allèle w déterminant la couleur jaune. Alors, un génotype Ww apparaîtra avec une couleur blanche, de même que des génotypes WW. Le caractère de la couleur blanche s'exprime seulement que pour les génotypes Ww et W. W est ainsi dit dominant par rapport à w et w est dit récessif par rapport à W.

1.3.2. Codominance

Lorsque le diploïde issu d'un croisement entre deux souches pures présente un phénotype différent des deux phénotypes parentaux, on définit ces deux derniers comme codominants ou semi-dominants. Les deux allèles présents à un locus donné s'expriment pleinement tous les deux en même temps, il n'y a ni dominant ni récessif.

C'est l'**expression conjointe de deux allèles différents chez les hétérozygotes. Le phénotype est alors la juxtaposition des effets des deux allèles.**

Exemple1 : Groupes sanguins. On peut prendre l'exemple du sang par exemple, car lorsqu'on a l'allèle A et l'allèle B, on est AB.

La codominance ne peut s'observer que chez les animaux hétérozygotes au locus considéré.

Exemple2 : Chez les poules Wyandotte dont la couleur blanc et noir du plumage est due à une codominance entre deux allèles.

1.3.3. Superdominance

Lorsque la performance de l'hétérozygote est supérieure à celle de chacun des deux homozygotes, on parle de superdominance. Ce phénomène est peu fréquent dans le cas de paires d'allèles occupant un même locus. Son importance se ressent surtout au niveau de la performance globale d'un individu.

1.3.4. Effets additifs des gènes

Deux allèles peuvent avoir des effets uniquement additifs. L'hétérozygote présente alors un phénotype intermédiaire entre celui des deux homozygotes.

Exemple : Il existe deux allèles régissant la couleur du plumage chez une certaine race de poule dont l'un produit un plumage noir lorsqu'il est présent en deux exemplaires chez les homozygotes E_1E_1 , l'autre produit un plumage blanc chez les homozygotes E_2E_2 . Les hétérozygotes E_1E_2 expriment un plumage bleu et sont les individus véritablement représentatifs de la race Andalouse Bleue. L'effet des allèles E_1 et E_2 est dit additif.

1.4. Pénétrance incomplète d'un gène

Elle se mesure par le pourcentage réel d'individus exprimant le caractère attendu pour un génotype donné. C'est donc sa fréquence d'expression parmi les individus ayant ce génotype.

Par exemple, le caractère culard des bovins, du à l'allèle **mh** (hypertrophie musculaire), a une pénétrance de 0,9. En moyenne, 90% des **mh/mh** sont [**mh**], les 10 % restants sont normaux.

1.5. Expressivité variable

Elle se mesure par une variation de l'intensité d'expression d'un caractère selon les individus.

Par exemple : Les bovins de type culard expriment le caractère de manière plus ou moins marquée. On note son intensité selon une échelle de 1 à 20 points. Certaines caractéristiques ne s'expriment que pendant une période de leur vie comme l'hypertrophie de la langue que se résorbe généralement quelques semaines après la naissance.

1.6. Expression des séries alléliques

Un locus peut être occupé par plusieurs gènes, cependant, chez un individu, on ne trouve que deux allèles à la fois, un sur chaque chromosome.

Par exemple :

Parmi les 15 allèles au locus caséine alpha s1 des caprins, 7 sont exploités en sélection. Ils font varier le taux protéique du lait : allèles A, B, C à fort taux protéique allèle E à un taux intermédiaire allèles D, F, O à faible taux.

1.7. Gènes non allèles

1.7.1. Pléiotropie

C'est le résultat de l'action d'un gène sur plusieurs caractères à la fois et qui n'ont pas de lien fonctionnel entre eux.

Exemple : Chez les caprins, le gène P absence de cornes à l'état homozygote, produit des femelles sans cornes (motte) mais stériles. Ainsi, on ne sélectionne que des boucs cornus p/p afin de ne pas obtenir de chevrettes P/P stériles. Les femelles P/p , bien que mottes restent fertiles. Le gène **mh** (hypertrophie musculaire) affecte la fertilité et les autres aptitudes maternelles des vaches culardes, mais il améliore la tendreté des viandes

1.7.2. Hétérosis

L'hétérosis désigne l'augmentation des capacités et ou de la vigueur d'un hybride par rapport aux parents (espèces différentes, de populations, ou de lignées pures).

L'effet d'hétérosis ou vigueur hybride, se traduit par un gain de performances ou l'accroissement particulièrement prononcé de la performance des individus hybrides ou métis (ou plus exactement une annulation des « tares » des lignées « pures ») qui résulte du brassage des différents allèles des différentes lignées). On parlera d'effet d'hétérosis lorsque la génération hybride F1 présente des performances supérieures à la performance moyenne de la génération parente P, homozygote ou non.

1.8. Gènes létaux et/ou indésirables

Un **allèle létal** est une forme mutante d'un gène, qui entraîne la mort de l'individu à l'état **homozygote** s'il est récessif ou **hétérozygote** s'il est dominant. Dans le cas d'un gène létal dominant, il est éliminé lorsqu'il survient (mort de l'individu avant la naissance) et il ne sera donc pas transmis.

Exemple : Chez les poulets, tous les embryons en développement qui contiennent deux exemplaires d'un gène récessif appelé « *creeper* », meurent dans l'œuf. Les poussins hétérozygotes survivent.

Un gène indésirable est lié à une anomalie génétique qui peut être expliqué par une mutation qui transforme spontanément et brutalement un gène. Ces anomalies génétiques sont parfois recherchées. Elles sont nombreuses chez les animaux d'élevage (environ 400 chez l'espèce bovine et 2000 chez l'espèce humaine).

1.9. Mutations létales dominantes

La présence d'un seul type d'allèle sauvage ne suffit pas pour garantir un développement normal et l'hétérozygote ne survit pas. L'allèle mutant se comporte comme un allèle létal à effet dominant.

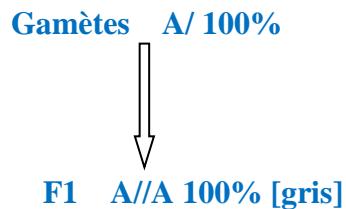
Exemple (Ex Maladie de Huntington) : H/H est un individu normal et H/h est malade et se trouvera avec une dégénérescence nerveuse vers l'âge de 40 ans. Les individus atteints sont hétérozygotes H/h. Le croisement de H//h malade avec H/H qui est sain donne 50% de descendants malades, 50% sains.

1.10. Mutations létales récessives

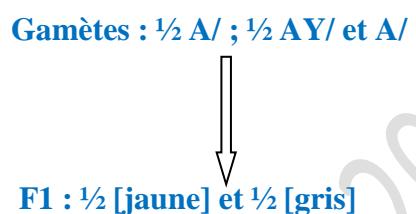
L'allèle sauvage peut assurer la fabrication d'un produit essentiel pour la survie d'un organisme, mais lorsqu'un tel gène est présent à l'état homozygote, il entraîne la mort de l'individu, il est dit létal.

Exemple : Le croisement entre la souris au pelage gris avec celle au pelage jaune donne 1/3 de souris à pelage grise et 2/3 à pelage jaune. Après avoir fait des prélèvements au niveau des utérus de femelles porteuses de sourceaux, on a constaté qu'il y'a des individus qui sont morts. L'allèle AY [jaune] agit sur deux caractères : la couleur jaune du pelage et la viabilité. Les gènes qui ont plusieurs effets phénotypiques différents sont appelés « gènes pléiotropes ». L'allèle A donne un pelage gris. L'allèle AY donne un pelage jaune, est un allèle dominant vis à vis de l'allèle normal A dans le contrôle de la couleur du pelage. AY> A, [jaune]> [gris] AY est un allèle létal récessif à l'état homozygote AY//AY et un allèle dominant pour le phénotype AY//A on obtient le phénotype jaune.

Croisement I : Parents A//A x A//A
[gris] x [gris]



Croisement II : Backcross Parents A//A x A//AY
[gris] X [jaunes]



Chapitre III. Génétique quantitative : différents types de caractères

La génétique quantitative est la génétique des caractères dont l'observation passe par une mesure. C'est la partie de la génétique qui étudie la transmission des différences individuelles à l'aide de modèles mathématiques et des statistiques.

Les caractères dits quantitatifs varient d'un individu à l'autre en intensité ou en dimension plutôt que par la présence ou l'absence d'un attribut particulier. La plupart des caractères de production sont de ce type.

2.1. Caractères qualitatifs

Ce sont des caractères dont la transmission héréditaire est généralement contrôlée par un ou deux couples de gènes allèles aux effets importants (dits aussi gènes majeurs). Leurs variations concernent des attributs particuliers ou des états bien distincts (par exemple présence ou absence de cornes, face blanche ou face colorée, albinisme ou pigmentation normale...) plutôt que des différences d'intensité ou de dimensions.

2.2. Caractères quantitatifs

Un caractère quantitatif est un caractère qui se mesure de manière objective

Les caractères quantitatifs sont :

- ✓ Mesurables ;
- ✓ Leur déterminisme génétique réunit les effets des gènes majeurs ;
- ✓ Leur expression est influencée par le milieu d'élevage.

Ces caractères sont les productions : les quantités (lait, croissance, ponte ...) mais aussi la qualité des productions (composition des produits, indice de qualité de la viande de porc ...).

Exemples :

- ✓ Caractères biométriques : Taille des individus, poids, croissance ;
- ✓ Caractères agronomiques : Taille de portée chez les animaux en production laitière.

2.3. Caractères composites

Beaucoup de caractères touchant à la production des animaux domestiques (tels que la production du lait ou de viande) sont des combinaisons complexes de caractères élémentaires.

Exemple : Production de viande chez les ovins est un caractère composite. L'amélioration de la production de viande chez le mouton devrait prendre en considération les paramètres suivants :

- ✓ Les capacités reproductrices des brebis :
 - fréquence et régularité des agnelages
 - taux de conception (fécondité)
 - taille de la portée à l'agnelage (prolificité) ;
- ✓ La survie et la santé des agneaux ;
- ✓ La survie et la santé des brebis ;
- ✓ Les performances maternelles (comportement, production laitière, etc.) ;
- ✓ La vitesse de croissance des agneaux ;
- ✓ Les caractéristiques des carcasses ;

- ✓ L'indice de conversion alimentaire (maternel et de l'agneau).

La production de viande chez le mouton est ainsi définie comme un caractère composite auquel participe un certain nombre de caractères élémentaires.

Cette approche est essentielle pour le succès des programmes d'amélioration, car elle permet d'appliquer la pression de sélection génétique là où elle sera la plus efficace.

2.4. Héritabilité des caractères

On appelle héritabilité la part moyenne de la variabilité phénotypique qui est d'origine génétique additive pour un caractère et une population donnée.

Au sens large, L'héritabilité (H^2) d'un caractère représente la proportion de la variance des productions pour ce caractère qui est de nature additive. Elle est comprise entre 0 et 1.

$$H^2 = V(G)/V(P)$$

P : valeur du phénotype mesuré ;

G : valeur du génotype de l'individu d'une part,

L'héritabilité permet de prédire si l'amélioration génétique par sélection sera efficace

Au sens étroit, l'héritabilité est un paramètre spécifique du caractère étudié et de la population observée et de son milieu.

En sélection individuelle, l'héritabilité est le rapport entre les supériorités génétiques ou variance génétique additive VA et phénotypique VP, moyennes d'un groupe d'individus sélectionnés. On parle aussi de réponse à la sélection (R) par rapport à la différentielle de sélection (S) :

$$H^2 = V(A)/V(P)$$

Chez les animaux, voici les ordres de grandeur de l'héritabilité au sens étroit regroupant les caractères quantitatifs en trois principales catégories :

- ✓ Caractères peu héritables ($H^2 < 0,2$) : essentiellement des caractères liés aux aptitudes de reproduction et de viabilité des jeunes ;
- ✓ Caractères moyennement héritables ($0,2 < H^2 < 0,4$) : essentiellement des caractères liés à l'intensité d'une production ;
- ✓ Caractères fortement héritables ($H^2 > 0,4$) : essentiellement des caractères liés aux caractéristiques qualitatives des produits, notamment leur composition, qui sont beaucoup moins sensibles aux variations liées au milieu que les précédents

TAUX D'HÉRITABILITÉ	CARACTÈRES	EXEMPLES
Peu héritable ($h^2 < 0,2$) L'influence du milieu est forte et la transmission du caractère est faible.	Ce sont les caractères liés à la reproduction et viabilité des jeunes .	Fertilité, prolificité, rusticité.
Moyennement héritable ($0,2 < h^2 < 0,4$)	Ce sont principalement les caractères quantitatifs .	GMQ, quantité de lait, Indice de consommation.
Très héritable ($h^2 > 0,4$) L'influence du milieu est faible et la transmission du caractère est forte.	Ce sont notamment les caractères qualitatifs .	TB, TP, conformation.

Chapitre IV. Lois de Mendel

La découverte des règles de transmission des caractères est attribuée à Gregor Mendel (1822-1884), qui travailla sur l'hérédité chez les plantes et publia ses résultats en 1866. Ses recherches lui ont permis de dégager deux lois :

- ✓ Uniformité des hybrides de première génération F1 issus de parents de lignées pures. ;
- ✓ La ségrégation indépendante des gamètes (la seconde loi concerne la transmission de plusieurs gènes situés sur des chromosomes différents).

4.1. Monohybridisme

La loi de disjonction affirme qu'un gamète peut recevoir aléatoirement l'un ou l'autre des deux allèles d'une paire au même locus. Aussi, c'est le hasard qui préside à la rencontre d'un spermatozoïde et d'un ovule. En croisant deux lignées pures ne différant que par un seul caractère, un des deux caractères disparaît à la génération suivante (première génération filiale ou F1).

Il s'ensuit que, chez tout individu quel qu'il soit, les deux exemplaires d'un gène ne proviennent jamais du même parent : l'un est donné par le père et l'autre par la mère.

Exemple1 : Vache pie-noir	x	Taureau pie-rouge
N		n
Génotypes	N/N	n/n
Gamètes	N (1)	n (1)
	-génotypes N/n (1) Loi n°1	
	-phénotypes [N] (1) 100% des F1 sont pie-noir	

Conclusion : Si on croise deux lignées pures, on constate que :

- ✓ En F1 les individus possèdent le phénotype de l'allèle dominant ;
- ✓ L'allèle récessif se révélera uniquement dans la génération F2 ;

La première loi de Mendel : uniformité des hybrides de première génération F1 issus de parents de lignées pures

Exemple2 : En croisant les individus de la génération F1, on aura :

F1	-génotypes	N/n(1)		
	-phénotypes	[N] (1) 100% des F1 sont pie-noir		
	F1	x	F1	
Gamètes	N (½) ou n (½)		N (½) ou n (½)	
F2	-génotypes	N/N	N/n	n/n
		(¼)	(½)	(¼)
	-phénotypes	[N]	[n]	la F2 est hétérogène
		(¾)	(¼)	

	N	n
N	NN	Nn
r	Nn	nn

Exemple3 : Chez la race bovine Hereford, la couleur de la face blanche est dominante chez les parents et celle colorée est récessif. On notera par convention l'allèle C, dominant et l'allèle c, récessif. En F1, tous les individus ont la face blanche. Les individus CC ne produisent que des gamètes porteurs de C tandis que les individus cc ne produisent que des gamètes porteurs de c. Les individus hétérozygotes Cc produisent par contre deux types de gamètes en même quantité : des gamètes porteurs de C et d'autres porteurs de c. En croisant les individus de F1, on aura les combinaisons suivantes, selon les types de spermatozoïde et d'ovule qui fusionnent :

- ✓ C avec C donne CC
- ✓ c avec c donne cc ;
- ✓ C avec c donne Cc.

Lorsque des animaux hétérozygotes (Cc) se reproduisent entre eux, la descendance présente les génotypes suivants :

Mâle : gamètes	C	c
Femelle : gamètes		
C	CC	Cc
c	Cc	cc

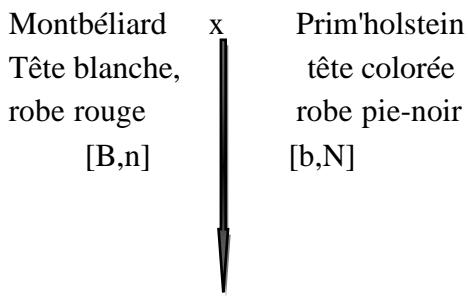
Ainsi, sur les quatre combinaisons possibles, deux sont des homozygotes (CC et cc) et deux sont des hétérozygotes Cc et cC. Dans ce cas précis, l'allèle déterminant la face blanche (C) domine celui qui détermine la face colorée (c) : il s'ensuit que les hétérozygotes Cc ont des faces blanches. Il y a donc trois fois plus de faces blanches que de faces colorées dans la descendance, bien qu'il existe trois génotypes différents dans les proportions 1:2:1. Lorsque des hétérozygotes se reproduisent avec l'un ou l'autre des types homozygotes parentaux, on parle de rétrocroisement ou croisement en retour.

4.2. Dihybridisme

La seconde loi concerne la transmission de plusieurs gènes situés sur des chromosomes différents. Selon cette loi, les allèles de gènes se trouvant sur des chromosomes différents se répartissent dans les gamètes de manière indépendante.

Exemple 1 : Les bovins de race Montbéliard avec la tête blanche et la robe rouge x Prim'holstein avec la tête colorée et la robe pie-noir

- ✓ caractère n°1 couleur de la robe à 2 allèles N= robe pie-noir n= robe Pie-rouge ;
- ✓ -caractère n°2 coloration de la tête, avec 2 allèles B = tête blanche et b = tête colorée.



F1 100% [B, N] (tête blanche et robe pie-noir) la loi 1 est vérifiée.

En croisant les individus de F1 entre-deux on aura :

BNbn	BN	Bn	Nb	bn
BNbn	BBNN	BBNn	BNNb	BNbn
BN	BBNn	BBnn	BNbn	Bbnn
Bn	BNNb	BNbn	NNbb	Nbbn
nb	BNbn	Bbnn	Nbbn	bbnn

La distribution des phénotypes qui suit le développement de $(3+1)^2$ (l'exposant correspond au nombre de caractères indépendants étudiés), soit 9-3-3-1 ce qui donne en fréquences 9/16, 3/16, 3/16, 1/16. Ces fréquences sont celles des phénotypes, en partant du double dominant vers le double récessif.

- [B, N] 9/16 Tête blanche, robe pie-noir
- [B, n] 3/16 Tête blanche, robe pie-rouge
- [b, N] 3/16 Tête colorée, robe pie-noir
- [b, n] 1/16 Tête colorée, robe pie-rouge

Parmi ces 16 combinaisons possibles :

- ✓ 9 (proportion de 9/16) comprennent au moins une copie de B et une copie de N. À cause de la dominance, tous ont une tête blanche et une robe pie-noir (mais seul le génotype BBNN, est génétiquement pur pour ces deux caractères simultanément) ;
- ✓ 3 (proportion de 3/16) combinent au moins un B avec n, et ont une tête blanche et une robe pie-rouge ;
- ✓ 3 (proportion de 3/16) combinent bb avec au moins un N et présentent donc une tête colorée et une robe pie-noir ;
- ✓ 1 seule combinaison sur les 16 (proportion de 1/16) comprend les deux allèles récessifs en double (bbnn). Les individus de ce génotype ont Tête colorée, robe pie-rouge et sont génétiquement purs pour ces deux caractères. Ce génotype est le seul pour lequel il est possible, à la seule vue du phénotype, d'affirmer que les gamètes produits seront tous d'un seul type (bn).

Chapitre V. Autres concepts

5.1. Interactions entre les gènes

Les gènes qui se trouvent sur des chromosomes distincts, en des loci différents, ne sont indépendants les uns des autres qu'en ce qui concerne la transmission proprement dite. Il est fréquent qu'ils agissent de concert sur le développement des caractères d'un individu. Leurs effets peuvent être additifs, un peu à la manière des paires d'allèles au même locus, mais parfois l'effet de l'un (à un locus) peut masquer ou inhiber celui de l'autre (à un autre locus). Ce dernier type d'interaction est appelé épistasie.

5.2. Epistasie

C'est l'interaction entre 2 locus différents qui agissent sur un même caractère. Un gène épistatique masque l'expression d'un gène non allèle.

Exemple : Les gènes de contrôle du dépôt des pigments du plumage ou des poils sont soumis à l'effet épistatique de gènes non allèles inhibiteurs de leur activité. On produit ainsi des poulets de chair standards à plumage blanc à partir de poules rousses (leur coloration permet de les autosexer à la naissance) accouplées avec des coqs porteurs du gène autosomal d'inhibition à l'état homozygote.

Exemple : Épistasie – effet inhibiteur

L'allèle de l'albinisme détermine l'absence de couleur. Bien qu'il soit lui-même récessif par rapport à l'allèle autorisant le développement de la pigmentation, il supprime toute pigmentation des poils et de la peau lorsqu'il est présent à l'état homozygote (aa), malgré l'existence d'autres gènes déterminant normalement les différentes colorations du pelage.

L'épistasie peut se manifester par l'inhibition complète des deux exemplaires d'un gène par une autre paire de gènes (comme dans le cas de l'albinisme) ou par la simple modification de ses effets. Les deux gènes en interactions font alors parfois apparaître un phénotype tout à fait nouveau.

Exemple : Épistasie – effet modificateur

Chez la poule, pour certaines combinaisons des gènes déterminant la « crête rosacée » et la « crête en pois » (deux caractères héréditaires indépendants), des interactions épistatiques suscitent l'apparition d'un troisième type de crête, la « crête en noix ». On parle aussi de complémentarité des effets des deux couples d'allèle.

5.3. Les Liaisons

Les gènes qui sont situés sur un même chromosome sont dits liés. Les gènes liés échappent à la règle de la ségrégation indépendante (seconde loi de Mendel) et les caractères qu'ils contrôlent ont tendance à se transmettre ensemble.

5.4. Variabilité génétique

Si tous les individus d'une même espèce ont en commun le même nombre de chromosomes, chacun est unique dans sa séquence d'ADN. Cette variabilité génétique a pour origine principale : les mutations, le hasard de la méiose et de la fécondation, ainsi que le crossing-over.

5.4.1. Mutations

Naturelles et rares, ou provoquées (UV du soleil, toxines ...), elles modifient un nucléotide ou un triplet, et par conséquent, la synthèse d'une protéine de fonction plus ou moins altérée

(favorablement ou non). Plus de 95 % de l'ADN n'étant pas directement transcrit dans l'ARNm, les mutations affectent plus fréquemment les régions non codantes.

Elles sont utilisées dans la sélection assistée par marqueurs (SAM) quand une mutation non codante peut être associée à la proximité immédiate d'un gène sur le même chromosome.

5.4.2. Hasard de la méiose et de la fécondation

Le génome contenu dans un gamète est le fruit du hasard de la distribution de chacun des 2 chromosomes des n paires contenues dans les cellules souches. Ce hasard est doublé de celui de la rencontre d'un gamète mâle et d'un gamète femelle lors de la fécondation.

5.4.3. Crossing-over

Lors de la méiose, de nombreux échanges de brins de chromatine entre les chromosomes d'une même paire se produisent, c'est le crossing-over.

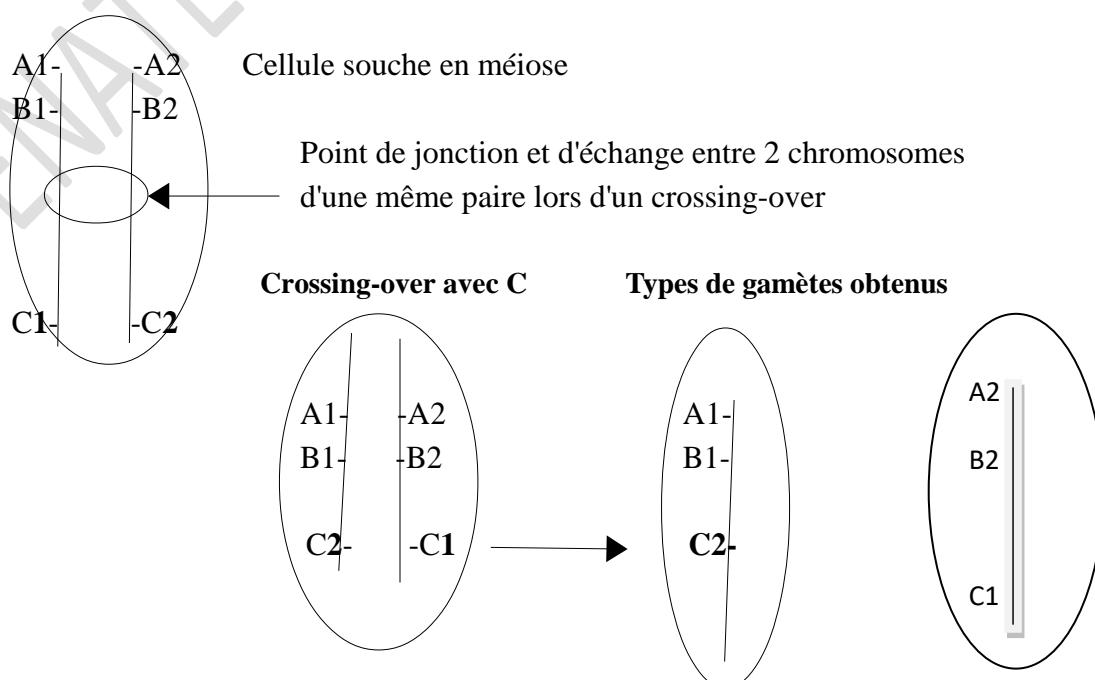
Ces échanges entraînent une forte augmentation de la variabilité des assemblages de gènes transmis par un chromosome. À l'opposé, quand lors de la méiose, une portion entière d'un chromosome est conservée sans crossing-over, on parle de linkage ou d'un groupe de liaison entre gènes.

5.5. Crossing over et recombinaisons

Les gènes liés qui sont localisés sur un même chromosome peuvent se trouver en des loci plus ou moins proches les uns des autres. Juste avant la division cellulaire (méiose) qui réduit de moitié le nombre de chromosomes, les chromosomes homologues de chaque paire se collent l'un contre l'autre et échangent des segments. Ce mécanisme de crossing-over, ou enjambement, met fin à des liaisons entre gènes pour en créer d'autres. On parle aussi de recombinaisons gamétiques. La probabilité d'un tel événement est d'autant plus élevée que les loci sont éloignés les uns des autres sur le chromosome.

Le processus du crossing-over se traduit par une recombinaison des allèles agissant sur différents caractères et constitue un mécanisme de maintien de la variabilité génétique au sein d'une population. Ce phénomène est utilisé aussi pour établir les groupes de linkage (liaisons génétiques) et les cartes génétiques.

Exemple : Pour 3 locus A, B, C, chacun à 2 allèles A1, A2 ; B1, B2 ; C1, C2 situés sur la même paire de chromosomes :



5.6. Gène porté par le chromosome X : Hérédité liée aux sexes

Il s'agit ici des gènes localisés sur des chromosomes sexuels. Si un certain nombre de gènes actifs sur le développement de l'individu ont été découverts sur le chromosome X, très peu ont été trouvés sur le chromosome Y, du fait de sa très petite taille.

Les gènes liés au sexe sont localisés sur X, alors que leur locus n'est pas présent sur Y. Chez les volailles, les femelles sont hétérogamétiques Z0, les mâles sont homogamétiques ZZ.

Exemple : Gène de nanisme chez la poule :

Le gène de nanisme est présenté par deux allèles : dw (dwarf) qui représente la taille naine qui est récessif et DW, la taille normale, dominant. Il est liée au sexe. Le dw réduit le format adulte de 30 à 40%, réduisant la consommation d'aliments donc permet d'augmenter l'effectif au m² dans leur bâtiment.

Chez de nombreuses espèces animales et certains rares végétaux, l'un des deux sexes porte une paire de chromosomes différents, impliqués dans la détermination sexuelle. Il y a certains gènes spécifiques du sexe masculin qui sont sur Y, ce chromosome est dépourvu des copies de beaucoup de gènes portés par X, par conséquent, les gènes présents sur le X auront un profil de transmission différents des gènes autosomiques. Ainsi, chez l'homme et la drosophile le caryotype d'une femelle est 2A+ XX, et d'un mâle 2A + XY. Dans ce cas la femelle est homogamétique, elle fournit un seul type de gamètes : 100% de A + X et le mâle est hétérogamétique et fournit 2 types de gamètes : ½ A + X et ½ A + Y.

Exemple : L'hémophilie, une maladie liée au chromosome X chez l'homme. Chez l'être humain, l'allèle de l'hémophilie (qui empêche la coagulation normale du sang et entraîne par conséquent un saignement ininterrompu à l'occasion d'une blessure) est porté par le chromosome X. Cet allèle est récessif par rapport à l'allèle qui permet la coagulation normale du sang.

Lorsqu'une femme porte l'allèle normal en deux exemplaires, tous ses enfants, garçons et filles, sont normaux.

Toutefois, lorsqu'une femme est hétérozygote pour ce caractère et porte un allèle normal et un allèle de l'hémophilie, chacun de ses fils a une chance sur deux d'être hémophile, même si le processus de coagulation est parfaitement normal chez la mère. Les filles ne sont hémophiles que dans les rares cas où les deux chromosomes X qu'elles possèdent portent l'allèle récessif.

5.7. Caractères s'exprimant dans un seul sexe

Les caractères d'une progéniture sont respectivement ceux des parents. Pour la production du lait, les mâles et les femelles portent et transmettent des gènes qui l'influencent. Mais, seules les femelles produisent du lait. Ainsi, la production laitière est un exemple de caractère qui ne s'exprime que dans un seul sexe.

6. Interaction entre génotype et environnement

L'hérédité et l'environnement sont susceptibles d'interagir. Par exemple, deux races élevées dans les mêmes conditions peuvent avoir des productivités comparables ou au contraire très différentes en fonction de ces conditions environnementales

L'interaction G × E concerne plus spécifiquement le fait que l'expression d'un gène ou d'un allèle, son effet sur un caractère varie parfois en fonction de l'environnement.

7. Fréquence allélique dans une population

La génétique des populations s'intéresse à l'évolution des fréquences alléliques et génotypiques. Il est donc important dans un premier temps de savoir calculer ces fréquences.

$$\text{Fréquence génotypique} = \frac{\text{Nombre d'individus porteurs du génotype étudié}}{\text{Nombre total d'individus de la population}}$$

$$\text{Fréquence allélique} = \frac{\text{Nombre d'allèles du type considéré}}{\text{Nombre total d'allèles}}$$

ou

$$\text{Fréquence allélique} = \frac{\text{Nombre d'allèles du type considéré}}{2 \text{allèles par individu DIPLOIDE} \times \text{nombre d'individus}}$$

Chez les taurins de race Hereford, le gène déterminant la présence ou l'absence de cornes, peut-être de génotype pp, Pp ou PP (possédant des cornes pour le premier, et sans cornes pour les deux autres). Ces trois génotypes différents peuvent être chacun représentés par plusieurs individus dans un quelconque troupeau.

Exemple : Calcul d'une fréquence allélique dans un troupeau de bovins.

Considérons un troupeau de 100 vaches de race Hereford dans lequel on sait que 45 sont des homozygotes PP, sans cornes, 50 sont des hétérozygotes Pp, également sans cornes, et 5 sont des homozygotes pp portant donc des cornes.

Comme chaque gamète ne porte qu'un seul des deux allèles, ces trois génotypes, dans les proportions auxquelles ils apparaissent dans ce troupeau, produisent :

- ✓ $45 + 45 = 90$ gamètes portant l'allèle P issus des 45 individus homozygotes PP ;
- ✓ 50 gamètes portant l'allèle P issus des 50 individus hétérozygotes Pp ;
- ✓ 50 gamètes portant l'allèle p issus des 50 individus hétérozygotes Pp ;
- ✓ $5 + 5 = 10$ gamètes portant l'allèle p issus des 5 individus homozygotes pp. Au total, nous obtenons :
 - ✓ L'allèle P= $90+50= 140$ gamètes P
 - ✓ L'allèle p= $50+10= 60$ gamètes p
 - ✓ Nombre total d'allèles (P+p) = $140+60= 200$

$$= \frac{\text{Nombre d'allèles du type considéré}}{\text{Nombre total d'allèles}}$$

Par définition, Fréquence allélique donc

Pour l'allèle P :

$$\text{Fréquence allélique}(P) = \frac{140}{200} = 0,7$$

Pour l'allèle P :

$$\text{Fréquence allélique}(p) = \frac{60}{200} = 0,3$$

Ce qui équivaut à un rapport de 7/3. Exprimée par rapport à 1, la fréquence allélique de P est de 0,7 et celle de l'allèle récessif p est de 0,3.

7.4. Constance des fréquences alléliques

En absence d'une pression de sélection génétique qui favorise un génotype plutôt qu'un autre, on considère généralement que les gamètes produits sont susceptibles de s'apparier selon toutes les combinaisons possibles (accouplements au hasard). Dans ces conditions, les fréquences alléliques (P et p) demeurent inchangées d'une génération à une autre (à la condition supplémentaire, toutefois, qu'il n'y ait ni mutation, ni immigration, ni émigration). Cependant, la répartition des allèles entre individus homozygotes et hétérozygotes est quelque peu différente de celle qui prévalait à l'origine. Les nouvelles fréquences des génotypes et des phénotypes associés qui sont produites par les accouplements au hasard sont dites à l'équilibre. La règle de la constance des fréquences alléliques est connue sous le nom de loi de Hardy-Weinberg (nom des chercheurs). Dans son expression formelle, elle affirme que, dans une population d'effectif important dans laquelle les accouplements se font au hasard, en l'absence de sélection, de mutations et de migration dans un sens ou un autre, les fréquences alléliques demeurent stables.

7.5. Modification des fréquences alléliques

Considérons le caractère présence ou absence de cornes. Il existe que deux possibilités de faire évoluer la situation :

- Si l'objectif est l'augmentation de la proportion d'animaux dépourvus de cornes et notamment des individus « purs » (allèle P), les animaux dotés de cornes seront reformés parce qu'ils sont obligatoirement homozygotes pour l'allèle récessif ;
- Une procédure plus complexe consiste à trouver un moyen d'identification des individus hétérozygotes, porteurs d'un exemplaire de l'allèle récessif, impossibles à repérer par leur seul phénotype. Dans le cas des taureaux destinés à s'accoupler avec ces vaches, les individus cornus seraient retirés et, si possible, seuls les taureaux PP seraient autorisés à se reproduire.

Il est possible de vérifier le génotype d'animaux hétérozygotes en procédant à des croisements-tests (ou test-cross en anglais). Pour ce faire, l'animal à tester (par exemple un taureau sans cornes qui pourrait être un hétérozygote) est accouplé à des individus connus pour porter l'allèle récessif en double.

Exemple : Réduction de la fréquence d'un allèle récessif dans un troupeau.

Supposons que les 5 vaches pourvues de cornes de l'exemple précédent soient mises à la réforme. Les proportions des deux allèles P et p dans les gamètes du reste du troupeau deviendraient :

- ✓ $45 + 45 + 50 = 140$ gamètes porteurs de P ;
- ✓ 50 gamètes porteurs de p seulement.

Alors, la fréquence de l'allèle P= $140/190$ qui donne 0,737 et celle de l'allèle récessif p= $50/190$, soit 0,263.

8. Estimation des différents facteurs de variation

8.4. Variations entre animaux apparentés

Ces principes généraux restent valables lorsque l'on souhaite estimer l'importance de la variabilité génétique au sein d'un groupe d'animaux de même race. Les individus doivent être comparés au même niveau.

Pour ce faire, on choisit des animaux semblables en termes de sexe, d'âge, de traitements, etc., ou bien l'on corrige les données pour les ramener à un niveau virtuel identique. Pour obtenir l'information génétique, il faut alors comparer la variation de performance qui existe entre individus apparentés à celle qui est observée entre individus moins apparentés (ou non apparentés).

8.4.2. Jumeaux

Les jumeaux ont plus de gènes en commun que deux individus qui ne sont pas jumeaux. Les vrais jumeaux ont exactement les mêmes gènes tandis que les faux jumeaux ont en commun la moitié des gènes qu'ils ont hérités de leurs parents. Si l'on découvre ainsi que, pour un caractère donné, des jumeaux ne se ressemblent pas plus que deux individus non jumeaux quelconques, il pourrait en être déduit que l'hérédité n'a aucune influence sur ce caractère. Inversement, si, pour un autre caractère, des jumeaux sont beaucoup plus semblables entre eux que deux individus non jumeaux, alors l'hérédité a probablement un fort impact sur ce caractère.

En outre, les jumeaux présentent l'inconvénient d'avoir partagé, avant leur naissance, le même environnement utérin et, bien souvent pendant au moins quelque temps par la suite, les mêmes soins maternels, distincts de ceux des autres individus. Il est donc possible que les jumeaux se ressemblent plus que d'autres individus entre eux à cause de ces expériences précoces communes plutôt qu'à cause d'un patrimoine génétique commun.

8.4.3. Parents et progénitures

Une autre méthode consiste à comparer la performance de la progéniture à celle de l'un des parents ou des deux. Toutefois, les performances à comparer doivent avoir été enregistrées au même âge ou au même stade : poids à 1 an ou production de la première lactation, par

exemple. Il s'ensuit nécessairement, du fait du décalage des générations, que ces données proviennent de dates différentes. Or, comme certaines années s'avèrent beaucoup plus favorables que d'autres pour la productivité, ce facteur « année » doit être pris en compte et les données corrigées en conséquence avant qu'il soit possible de comparer la performance de la progéniture à celle de ses parents.

8.4.4. Pleins frères et pleines sœurs

Les pleins frères et pleines sœurs sont des individus qui ont à la fois le même père et la même mère. Ils partagent en moyenne la moitié des gènes de leurs parents. Chez certaines espèces telles que le porc, qui ont plusieurs petits par portée (tous pleins frères et sœurs), la variabilité de la performance chez les porcelets d'une même portée peut être comparée à celle mesurée chez des porcelets provenant de portées non apparentées. Toutefois, parce qu'ils ont partagé un même environnement maternel, les porcelets d'une même portée se ressemblent plus que si les seuls facteurs génétiques étaient à l'œuvre.

8.4.5. Demi-frères et demi-sœurs

Il est généralement possible d'éviter les effets d'un environnement commun en comparant des individus demi-frères ou demi-sœurs, comme par exemple la progéniture d'un taureau reproducteur utilisé pour inséminer un grand nombre de vaches. Les demi-frères ou sœurs ont en commun, en moyenne, le quart de leurs gènes. Par conséquent :

- ✓ La variabilité observée dans les groupes de demi-frères ou sœurs comprend les trois-quarts de toute la variabilité génétique additive de la population en son ensemble.
- ✓ La variabilité observée entre différents groupes de demi-frères ou sœurs comprend le quart restant de la variabilité génétique additive de la population.

Chapitre V. GROUPES SANGUINS

Introduction

Le groupe sanguin est un caractère partagé par tous les individus de toutes les espèces. Mais, il existe une variabilité, car il existe quatre groupes : A, B, AB et O. chaque individu appartient à l'un des 4 groupes du système ABO. A cela, s'ajoute le système Rhésus, qui détermine si un individu est Rhésus positif (Rh+) ou Rhésus négatif (Rh-).

Les groupes sanguins, ou phénotypes érythrocytaires, correspondent à des antigènes allotypiques (variables d'un individu à l'autre au sein d'une même espèce) de la membrane d'érythrocyte. Ils sont génétiquement induits et indépendants les uns des autres.

L'appartenance à un groupe sanguin dépend des marqueurs présents à la surface des globules rouges.

I. Antigènes

1.1. Définition

Les antigènes sont des substances qui peuvent déclencher une réponse immunitaire. Un antigène est une macromolécule naturelle ou synthétique qui, reconnue par des anticorps ou des cellules du système immunitaire de l'organisme susceptible de déclencher une réponse immunitaire spécifique visant à l'éliminer. C'est une substance repérée par le système de défense de l'organisme qui peut être **internes (endogène)** ou **externes (exogène)** à l'organisme.

Exemple : agents microbiens (virus, bactéries etc.), allergènes respiratoires ou alimentaires, antigènes produits par nos propres cellules lors de cancers....

1.2. Antigènes A et B : Répartition

Les antigènes A et B sont répartis sur les hématies, les autres cellules sanguines (leucocytes et plaquettes), les autres tissus à l'exception des tissus **conjonctifs**, le système nerveux central et dans **les sécrétions**.

1.3. Localisation des antigènes de groupe sanguin

Deux catégories d'antigènes existent :

- ✓ Les antigènes localisés à la fois sur le globule rouge et d'autres tissus (notion de groupe tissulaire) ;
- ✓ Les antigènes localisés uniquement sur le globule rouge.

II. LE SYSTEME ABO

Le système de groupes érythrocytaires (premier groupe tissulaire) a été découvert grâce aux travaux de Landsteiner en 1900. Il a un rôle important pour la transfusion ainsi que pour les greffes d'organes et de tissus.

2.1. Définition

Le système ABO est défini par la présence d'antigènes érythrocytaires (A et B) et d'anticorps naturels réguliers, anti-A et anti-B (présent de façon constante dans le sérum sans allo-immunisation préalable) correspondant aux antigènes absents du globule rouge.

Le non-respect de compatibilité ABO entre le donneur et le receveur conduit à un accident hémolytique grave et qui peut être fatal.

2.2. Différents groupes sanguins ABO

Les antigènes A et B sont très largement distribué dans la nature. À chacun de ces deux antigènes correspond un **anticorps sérique**. Un sujet possède obligatoirement dans son sérum un anticorps naturel dirigé contre antigènes que ne possèdent pas ses globules rouges.

Groupe sanguin	Antigène érythrocytaire	Anticorps sérique (dans le sérum)
O	Aucun	Anti-A et Anti-B
A	Ag A ou (A et O)	Anti-B
B	Ag B ou (B et O)	Anti-A
AB	Ag A et Ag B	Aucun (pas d'anticorps pour le système)

2.2.1. Sous-groupes de A

Les globules rouges du sujet O portent la substance H à leur surface. Sous l'influence du gène A, la substance H se transforme en substance A pour donner des globules rouges du groupe A ; de même sous l'influence du gène B, la substance H se transforme en substance B pour donner des globules rouges du groupe B.

Dans le groupe A il existe donc deux sous-groupes :

- ✓ A1 (80%) : Toute la substance H a été convertie en A, il y aura donc une grosse agglutination (les anticorps se lient à plusieurs antigènes, formant un gros amas de cellules ou de particules.) rapide avec anti-A mais pas avec anti-H ;
- ✓ A2 (20%) : Toute la substance H n'a pas été entièrement convertie, il y a donc une grosse agglutination mais plus lente avec anti-A et anti-H.

Remarque : A côté des anticorps naturels, on trouve des anticorps immuns (apparus après stimulation) : grossesse, transfusion, hétéro-immunisation (vaccination, sérothérapie).

2.3. Le phénotype

Il comprend l'ensemble des antigènes s'exprimant à la surface du globule rouge. Le groupage ABO comporte obligatoirement la recherche des anticorps sériques correspondants.

Conventionnellement, le groupe sanguin ABO est défini par les antigènes présents sur les globules rouges. Les anticorps présents dans le sérum correspondent à l'antigène ou aux antigènes absents à la surface des globules Rouges.

2.3.1. Aspect génétique

Il existe un allèle A et un allèle B qui s'excluent lors de la mitose (tjrs séparés dans les deux gamètes). Il y a 4 allèles au locus ABO : A1, A2, B et O :

- A/B dominant sur O,
- A1 domine sur A2.

Les gènes A et B produisent des enzymes qui déclenchent la formation des antigènes A et B.

2.3.2. Gènes

Ils sont localisés sur :

- ✓ Le chromosome 9 (bras long) ;
- ✓ 2 loci homologues ;
- ✓ Chaque locus se trouve un gène de la série allélique A, B et O.
 - Le gène A Ag A ;
 - Le gène B Ag B ;
 - Le gène O Aucun ne produit A ou B (gène amorphe).

Génotypes	Phénotypes	Fréquence
A/A, A/O et O/A	A	45 %
B/B, B/O et O/B	B	9 %
A/B et B/A	AB	3 %
O/O	O	43 %

2.4. Groupe sanguin rare ou Bombay

Un groupe sanguin est dit "rare" lorsque moins de 4 personnes sur 1000 le possèdent dans la population et qu'il n'existe pas d'autres groupes sanguins compatibles pour transfuser ces patients. Par exemple, il existe des sujets qui ne sont ni A, ni B, ni AB et ni O : leur groupe sanguin est appelé "Bombay". Il est exceptionnel.

III. Anticorps : anti-A et Anti-B

3.1. Définition

Les anticorps sont des protéines produites par le système immunitaire en réponse à des antigènes.

Les **anticorps** sont une sorte de **protéines** sécrétées par des cellules sanguines telles que les **lymphocytes B** et les **plasmocytes**. Ils ont pour rôle principal la mise en place d'une action destructrice envers les substances reconnues comme étrangères pour l'organisme appelés **antigène**. Ils sont aussi appelés **immunoglobulines**.

Les anticorps agissent généralement au moyen de trois **mécanismes** : la reconnaissance spécifique de l'antigène, sa neutralisation et la mise en place d'une **mémoire immunitaire**.

3.2. Classement des anticorps

Dans l'organisme humain, il existe une grande quantité **d'anticorps** qui sont répartis en cinq différentes **classes** dont les caractéristiques qui sont variables.

1^e classe : les immunoglobulines A (IgA) : présentes dans les muqueuses tels que le vagin ; la bouche ; l'œil... Elles ont pour **fonction** d'entraver la liaison des **antigènes** avec les cellules de la muqueuse ou de **l'épiderme**. Les IgA agissent de façon immédiate et efficace sur les **microbes**.

2^e classe : les immunoglobulines E (IgE) : interviennent dans les mécanismes **d'allergie**. Leur action est surtout dirigée vers les **parasites**. Majoritairement produites par les **plasmocytes**, les IgE se retrouvent sur les voies respiratoires, la peau, les voies digestives et les amygdales.

3^e classe : les immunoglobulines M (IgM) : sont le premier obstacle lorsqu'un antigène pénètre dans l'organisme. Elles sont produites par certains globules blancs et sont des anticorps non spécifiques de l'immunité adaptative. Leur présence dans le sang prouve qu'une infection est en cours.

4^e classe : Les immunoglobulines G (IgG) : ce sont des anticorps qui ont une action plus intense. Elles sont capables de traverser le **placenta** pour assurer une immunité au fœtus. Elles sont les plus nombreuses que les autres anticorps. Leur fonction est d'assurer une

protection de l'organisme contre les **virus** et les **bactéries** circulant dans le sang. Elles interviennent également dans la mise en place de la **mémoire immunitaire**.

5^e classe : Les immunoglobulines D (IgD) : sont présentes à la surface des **lymphocytes B**. Leur rôle est de captiver les bactéries et d'induire le mécanisme de neutralisation, en alertant les acteurs immunitaires indispensables. Elles assurent donc une fonction de **veille permanente**, pour détecter l'intrusion d'antigènes.

3.3. Anticorps anti-A et anti-B immuns

Lorsqu'un anticorps et un antigène se lient ensemble, ils forment ce que l'on appelle un **complexe immun** (ou complexe antigène-anticorps).

Ce sont des immunoglobulines de classe G observées le plus souvent chez le sujet O, anticorps non agglutinants en milieu salin actifs à 37°C.

Ces anticorps sont « acquis » par stimulation immune (transfusion incompatible, grossesse...). Ils sont dangereux en transfusion et responsables d'accident d'hémolyse indirect (les anticorps du donneur agressent les globules rouges du receveur).

3.4. Détermination

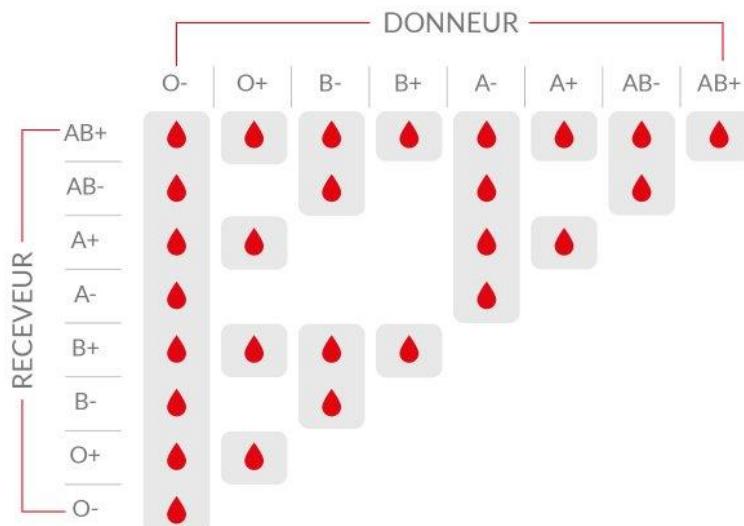
La détermination des groupes sanguins érythrocytaires s'effectue en mettant en contact les globules rouges du sujet avec différents sérum (3 sérum) contenant successivement des anticorps anti-marqueurs A ou B ou Rhésus etc. Lorsqu'il ne se produit pas de réaction d'agglutination (coagulation), c'est que le sang du patient appartient au même groupe que le sang du sérum témoin avec lequel il est mis en contact.

3.5. Compatibilité

La combinaison des protéines et des sucres, appelés antigènes, présents à la surface des globules rouges qui rend les groupes sanguins compatibles ou incompatibles entre eux :

- ✓ Les personnes du groupe A ne peuvent recevoir que du sang des groupes A et O. elles ne peuvent pas recevoir de sang des groupes B et AB ;
- ✓ Les personnes du groupe B ne peuvent recevoir que du sang des groupes B et O. elles ne peuvent pas recevoir de sang des groupes A et AB ;
- ✓ Les personnes du groupe AB peuvent recevoir du sang de tous les groupes. Ce sont des « receveurs universels » ;

- ✓ Les personnes du groupe O ne peuvent recevoir que du sang du groupe O. Appelées « donneurs universels », elles peuvent donner leurs globules rouges à n'importe quel receveur. Le groupe O- est surtout utilisé dans les situations d'urgence.

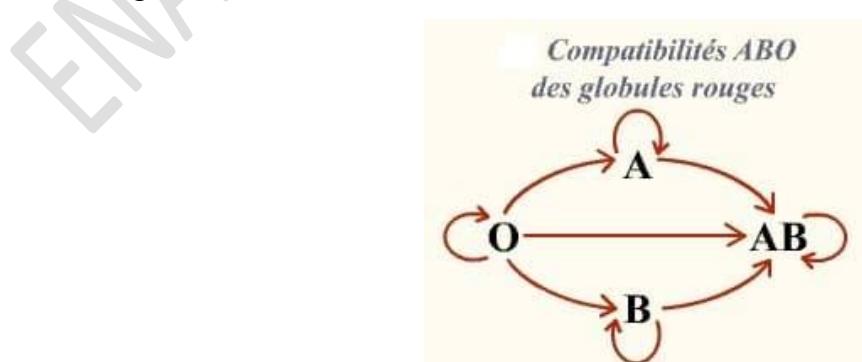


IV. Règles transfusionnelles ABO pour les globules rouges

La règle élémentaire de compatibilité transfusionnelle est de ne jamais transfuser des globules rouges portant l'antigène A et/ou B correspondant à l'anticorps du receveur. Les transfusions où le donneur et le receveur ont le même groupe ABO sont toujours Compatibles ;

NB :

- ✓ Ces règles sont à respecter impérativement pour assurer la sécurité transfusionnelle ;
- ✓ Il ne faut pas confondre avec les règles de compatibilité des globules rouges et des plasmas ;
- ✓ Les transfusions que l'on peut effectuer sans risque entre les différents groupes sanguins chez l'Homme.



V. Système rhésus ou facteur rhésus (Rh)

Une autre classification permet de catégoriser les groupes sanguins : C'est le facteur rhésus qui peut être positif ou négatif. Il dépend de la présence ou de l'absence d'un autre antigène à la surface des globules rouges. On ajoute un plus (+) en cas de présence de cette protéine à la lettre du groupe sanguin et un moins (-) en cas d'absence. D'autres sous-types sont également décrits, mais moins prépondérants (Kell, Duffy...). Le facteur rhésus est aussi transmis génétiquement : l'allèle **Rh+** est dominant et l'allèle **Rh-** est récessif. Il faut donc obligatoirement deux allèles **Rh-** pour être de groupe sanguin négatif. Les personnes de groupe sanguin positif possèdent deux allèles **Rh+** ou la combinaison des allèles **Rh+** et **Rh-**.

Le rhésus (+) représente 84% et le rhésus(-), 16%.

5.1. Antigènes du système rhésus

5.1.1. Antigène D

Si un sujet possède des antigènes D il est dit rhésus positif sinon il est dit rhésus négatif.

- ✓ Si un patient est **Rh +** on peut lui transfuser du **Rh+** ou du **Rh-** ;
- ✓ Si un patient est **Rh-** ; il est fortement conseillé de lui transfuser du **Rh-**. On peut lui transfuser du **Rh+** mais dans ce cas, il est immunisé contre l'antigène D. Or, un Rh- ne possède pas d'antigène D. Cette transfusion va fabriquer en lui des anticorps anti-D autour de 50-70 % des cas. Ce qui créera en lui un haut risque **d'hémolyse** lors de la transfusion suivante du sang Rh+.

Il existe des cas où certains sujets Rh- s'immunisent contre l'antigène D. Par exemple, lors de l'accouchement ou de la mise-bas, des globules rouges du bébé peuvent traverser la barrière placentaire pour se mélanger aux globules rouges de la mère. Alors, si c'est la mère est Rh- et le père Rh +, l'enfant sera Rh+. La mère risque alors après l'accouchement ou la mise-bas, de fabriquer des anticorps anti-D. À la prochaine grossesse ou gestation avec un père Rh +, et l'accouchement ou de la mise-bas donne un bébé Rh +, les anticorps anti-D de la mère risquent de provoquer une hémolyse chez le bébé toujours au moment de l'accouchement ou de la mise-bas. La prévention de ce risque doit se faire dans les 72 heures (maximum) qui suivent cet accouchement ou cette mise-bas par l'injection à la mère d'une dose de gammaglobuline anti-D qui va neutraliser les globules rouges porteurs de l'antigène D (Rh+) du bébé ; la mère ne fabriquera donc pas d'anticorps anti-D. L'antigène D est très **immunogène** (capacité à induire la formation d'un anticorps).

5.1.2. Autres antigènes

Il en existe 45 autres antigènes dont, les antigènes **C** et **E** se trouvent surtout chez les sujets Rh + et **c** et **e** chez les Rh -. Dans une population on rencontre environ 70% de C, 30% de E, 80% de c et 99% de e. Les antigènes **C** et **c** d'une part et **E** et **e** d'autre part sont **antithétiques** c'est-à-dire quand l'un est absent l'autre est obligatoirement présent.

5.1.3. Cas particuliers

- ✓ **D faibles** : Un sujet est dit D faible quand D est présent sur ses globules rouges en très faible quantité.

Pour détecter l'antigène D chez un patient, on met ses globules rouges porteurs d'Ag D en contact avec des anticorps anti-D. Si le sujet est D faible, alors il n'y aura pas d'agglutination (une technique avancée permettra de mettre en évidence D et il y aura une agglutination).

- On recherche les D faibles chez :

- ✓ **Donneurs** : Si D - mais Du + ⇒ étiquette Rh + : le receveur devra donc être Rh +.
- ✓ **Femmes enceintes** : Si Rh- et Du + (donc Rh +) ⇒ pas de risques d'être immunisée par un bébé Rh + car la femme possède déjà l'antigène D. Si la femme est Rh - Du - (Rh -) et que le bébé est Rh - mais **Du + (Rh +)** il risque d'immuniser la mère contre les anticorps D, on injectera donc une dose de gammaglobulines. Si le deuxième bébé est Rh- et Du- (Rh -) et qu'une dose a été injectée le bébé ne sera pas en danger.
- ✓ **Recepteurs Rh -** : s'ils sont **Du -** on ne peut leur transfuser que du **Rh -** ; s'ils sont **Du +** on peut leur transfuser du **Rh-** ou du **Rh +**.
- ✓ **D partiels** : sont les sujets qui possèdent des antigènes **D incomplets**. Si on leur transfuse du **Rh +** ils vont recevoir des antigènes **D complets** et vont s'immuniser contre la partie antigénique qu'ils ne possédaient pas. Lors d'une deuxième transfusion de sang, **Il faut donc leur transfuser du sang Rh - car le sang Rh + entraînera une hémolyse**.

5.1.4. Anticorps du système rhésus

Ce sont des anticorps immuns, c'est à dire secondaires à une transfusion ou à une grossesse.

Exception : Les anticorps anti-E peuvent être naturels (dits irréguliers) mais c'est rare.

VI. Règles transfusionnelles au niveau du système rhésus

6.1. Transfusion des globules rouges

La compatibilité ABO entre le sang du donneur et le sang du receveur permet une transfusion isogroupe (de même groupe sanguin) ou une transfusion compatible. Les antigènes globulaires du donneur ne doivent pas être reconnus par les anticorps sériques du receveur.

- ✓ Un patient de **groupe O** ne peut recevoir que du **sang O** ;
- ✓ Un patient de **groupe A** ne peut recevoir que du **sang O** ou du **sang A** ;
- ✓ Un patient de **groupe B** ne peut recevoir que du **sang O** ou du **sang B** ;
- ✓ Un patient de **groupe AB** peut recevoir du **sang O**, du **sang A**, du **sang B** ou du **sang AB**.

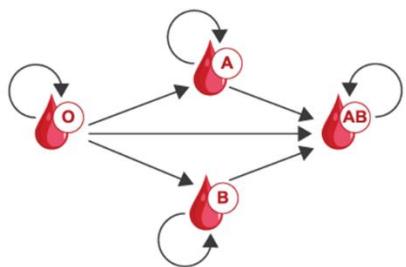
	Antigène globulaire	Anticorps sériques
Groupe A	A	anti-B
Groupe B	B	anti-A
Groupe AB	A et B	-
Groupe O	-	anti-A et anti-B

6.2. Transfusion de plaquettes

Le but de la transfusion de concentrés de plaquettes est de maintenir une concentration de plaquettes chez le patient suffisante afin de prévenir tout risque hémorragique. Les antigènes rhésus ne sont présents que sur les globules rouges. Dans une poche de plaquettes, il y a quelques globules rouges qui permettent de tenir compte de l'antigène D.

- ✓ Un patient de **groupe O** devrait recevoir que du **sang O** ;
- ✓ Un patient de **groupe A** devrait recevoir que du **sang O** ou du **sang A** ;
- ✓ Un patient de **groupe B** devrait recevoir que du **sang O** ou du **sang B** ;
- ✓ Un patient de **groupe AB** peut recevoir du **sang O**, du **sang A**, du **sang B** ou du **sang AB**.

	Antigène globulaire	Anticorps sériques
Groupe A	A	anti-B
Groupe B	B	anti-A
Groupe AB	A et B	-
Groupe O	-	anti-A et anti-B



6.3. Transfusion de plasma

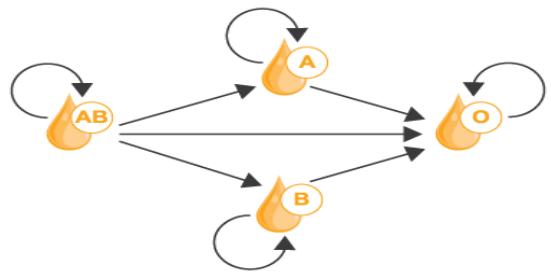
Si on considère qu'il n'y a pas de globules rouges dans le plasma on ne tient pas compte de D sinon on en tient compte. La compatibilité ABO entre le plasma du donneur et le plasma du receveur permet une transfusion isogroupe (de même groupe sanguin) ou une transfusion compatible.

NB : Les anticorps sériques du donneur ne doivent pas être reconnus par les antigènes globulaires du receveur.

	Anticorps sériques	Antigène globulaire
Groupe A	anti-B	A
Groupe B	anti-A	B
Groupe AB	-	A et B
Groupe O	anti-A et anti-B	-

- ✓ Un patient de **groupe AB** ne peut recevoir que du **plasma AB** ;
- ✓ Un patient de **groupe A** ne peut recevoir que du **plasma AB** ou du **plasma A** ;
- ✓ Un patient de **groupe B** ne peut recevoir que du **plasma AB** ou du **plasma B** ;

- ✓ Un patient de **groupe O** peut recevoir du **plasma O**, du **plasma A**, du **plasma B** ou du **plasma AB**.



B. AMELIORATION GENETIQUE

L'amélioration génétique permet d'augmenter les performances zootechniques des races en modifiant les aptitudes génétiques des animaux vis à vis de critères de sélection. Il y a plusieurs voies d'amélioration :

- ✓ la **sélection** à partir d'une race existante ;
- ✓ Le **croisement**, qui permet : l'amélioration génétique des races qui entraîne la création de races nouvelles par :
 - La diffusion du progrès génétique (diffusion de reproducteurs améliorés) ;
 - L'amélioration des résultats de production des races (introduction de reproducteurs exotiques) ;
- ✓ **L'introduction de races exotiques.**

L'amélioration des cheptels devrait avoir pour objectif l'efficacité de la production animale. En termes économiques, ceci revient à dire que tout accroissement de la production quelle que soit la nature du produit devrait être évalué par rapport au coût des intrants. L'amélioration ne sera réelle que si la valeur des produits est supérieure au coût des facteurs de production. L'amélioration des cheptels, notamment celle génétique vise simplement à générer des animaux de hautes valeurs productives, plus rentables.

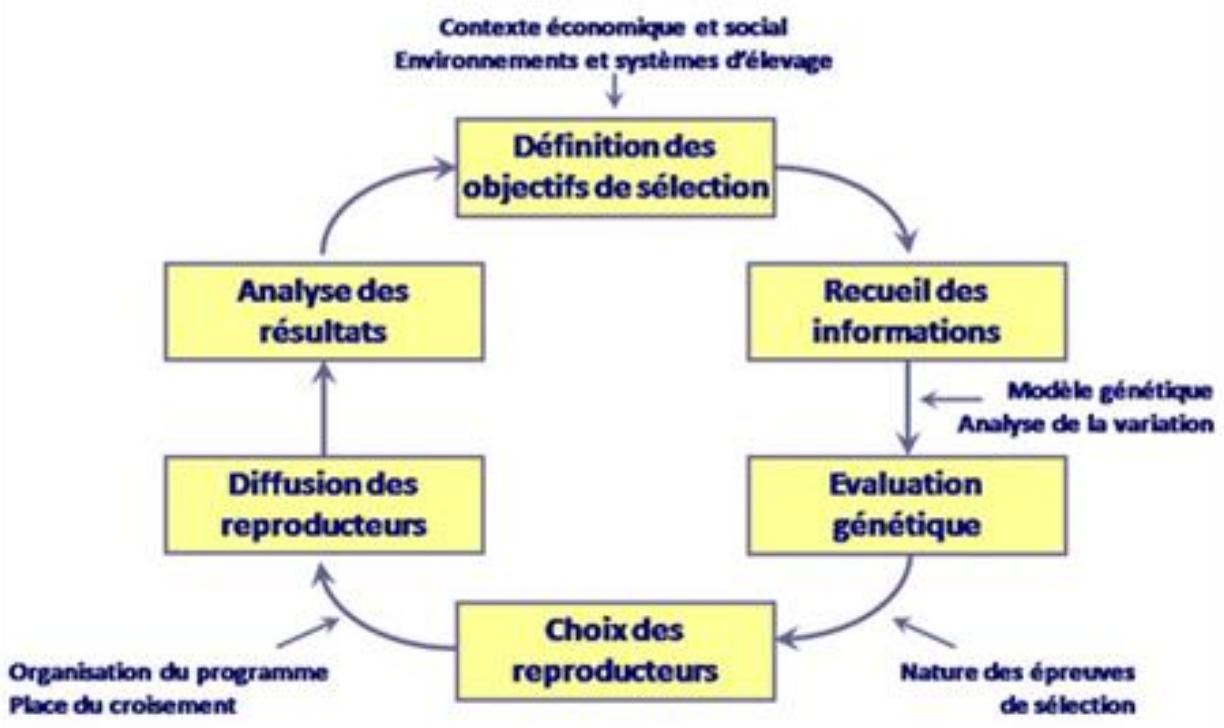
L'objectif global de l'accroissement du rendement du système de production devra souvent passer par une meilleure prise en compte de certaines composantes du système. Toutefois, il convient en premier lieu de clarifier ce que l'on désigne, dans chaque situation particulière, par le terme « amélioration ».

Chapitre I. Grandes étapes d'un programme d'amélioration génétique

On appelle programme d'amélioration génétique l'ensemble des opérations qui, à l'échelle d'une population d'animaux, conduisent au choix raisonné des reproducteurs et à leur utilisation.

Un programme se concrétise toujours à l'aide d'un schéma, et l'amélioration étant souvent résumée par la sélection, qui définit le schéma de sélection. Les différentes étapes d'un programme d'amélioration génétique sont :

- ✓ La définition des objectifs de sélection ;
- ✓ La collecte des informations nécessaires ;
- ✓ L'évaluation génétique des animaux ;
- ✓ Le choix des reproducteurs ;
- ✓ L'utilisation (diffusion) des reproducteurs.



1.1. Définition des objectifs de sélection

Les objectifs de sélection sont la liste des caractères que l'on souhaite améliorer ainsi que la hiérarchie qui est faite entre eux. Leur définition requiert une approche pluridisciplinaire et nécessite de prendre en compte un certain nombre de contraintes. Il est tout d'abord essentiel de se projeter dans l'avenir car le délai entre une décision de sélection et ses répercussions à l'échelle de la production, c'est-à-dire lors de l'expression des caractères chez les descendants des reproducteurs sélectionnés, se compte en années.

Exemple : 3 ans chez le poulet de chair à près de 10 ans chez les bovins (avant l'avènement de la sélection génomique) ou les chevaux.

Il faut ensuite tenir compte des liaisons génétiques entre caractères. Par exemple, chez les ruminants laitiers, la corrélation génétique fortement positive entre les taux de matière protéique et de matière grasse du lait impliquent que l'amélioration du premier peut difficilement s'envisager sans celle du second.

1.2. Collecte des informations

Dans le cas de populations d'effectif important, un grand troupeau par exemple, les animaux appartiennent en général à plusieurs propriétaires différentes. Ainsi, les informations nécessaires à la sélection sont :

- ✓ L'état civil des animaux, c'est-à-dire l'identité de leur père et de leur mère ;
- ✓ Les performances des animaux pour différents caractères ;
- ✓ Leur génotype pour des marqueurs moléculaires.

Les différents types de données collectées sur le terrain sont informatisés et

rassemblés dans des bases de données nationales en vue de leur traitement ultérieur.

1.3. Evaluation génétique des animaux

L'objectif final de la sélectionne d'un reproducteur est la destinée de sa descendance. La notion de valeur génétique est définie par rapport aux aptitudes que la descendance d'un reproducteur va engendrer. Cette valeur traduit l'effet quantitatif, en écart à la moyenne des performances, de l'ensemble des gènes possédés par un animal. La valeur génétique d'un reproducteur est transmise en moyenne par moitié à sa descendance. Chaque descendant reçoit la moitié de la valeur génétique de chacun de ses parents.

Elle n'est toutefois pas accessible directement, pour la simple raison que l'on ne connaît en général pas tous les gènes gouvernant un caractère donné. Si la valeur génétique vraie d'un animal nous n'est pas connue, nous pouvons l'estimer par une évaluation génétique qui consiste à estimer cette valeur génétique. Cette procédure est très généralement désignée par le terme d'indexation, les **index de valeur génétique** représentant la valeur génétique estimée des animaux et servant à classer les candidats à la sélection selon leur mérite (d'où le terme d'index). Les index permettent de comparer la valeur génétique d'animaux ou de groupes d'animaux dans l'espace (entre troupeaux, régions, voire pays) et dans le temps (entre années).

1.4. Choix des reproducteurs

La sélection au sein des populations animales procède du remplacement progressif d'anciens reproducteurs par élimination ou réforme, par de jeunes reproducteurs choisis pour assurer le renouvellement. Les causes du choix des reproducteurs éliminés sont multiples et pas toujours en lien avec les objectifs de sélection. C'est donc le choix des reproducteurs de renouvellement qui est décisif et qui permet de dégager un progrès génétique dans le sens des objectifs. Il est possible de prédire le progrès génétique annuel, c'est-à-dire le rythme avec lequel la moyenne d'un caractère va évoluer au cours du temps.

4 paramètres définissent le progrès génétique annuel :

- ✓ La variabilité génétique au sein de la population (on attend d'autant plus de marge d'évolution que la population recèle une grande variabilité) ;
- ✓ La sévérité du choix (plus la proportion de reproducteurs sélectionnés parmi l'ensemble des candidats est faible, plus les gains génétiques sont élevés) ;
- ✓ La précision de la sélection, c'est-à-dire le lien entre le critère de sélection et la valeur génétique des animaux pour le(s) caractère(s) de l'objectif ; c'est le CD des index de valeur génétique lorsque ce sont eux qui sont employés comme critères de sélection.
- ✓ L'intervalle de génération, c'est-à-dire le temps qui sépare la naissance des reproducteurs et celle de leurs descendants qui deviendront à leur tour reproducteur.

1.5. Utilisation des reproducteurs et Race pure

Deux réalités sont à prendre en compte en ce qui concerne l'utilisation des reproducteurs : le recyclage du progrès génétique au sein de la population sélectionnée et la diffusion du progrès

génétique en dehors de celle-ci (élevages ne pratiquant pas le contrôle des performances en ferme, élevages commerciaux dans le cas des volailles et des porcs, etc.).

Le recyclage du progrès génétique consiste à procréer les nouveaux candidats à la sélection, et donc les potentiels futurs reproducteurs, à partir des meilleurs reproducteurs du moment (accouplements raisonnés), condition pour que les progrès génétiques se cumulent d'une génération à l'autre. L'insémination artificielle constitue un excellent moyen de diffusion des gènes des mâles sélectionnés (cas des ruminants laitiers).

Deux systèmes sont à considérer :

- ✓ L'élevage en race pure, qui consiste à faire se reproduire entre eux des reproducteurs issus de la même population (race, lignée, souche, ...), et
- ✓ Le croisement, qui consiste à faire se reproduire entre eux des reproducteurs issus de populations différentes.

Le croisement a des avantages qui permettent de :

- ✓ Trouver ailleurs des gènes ou des aptitudes que l'on n'a pas chez soi ;
- ✓ Introduire de la variabilité génétique au sein de populations qui en manqueraient ;
- ✓ Bénéficier de l'effet de complémentarité entre des types génétiques spécialisés pour des fonctions différentes, voire antagonistes, comme le développement musculaire et les aptitudes de reproduction ;
- ✓ Bénéficier du phénomène d'hétérosis, ou vigueur hybride, qui fait que, pour certains caractères comme ceux liés à la reproduction, la performance moyenne des animaux croisés est supérieure à celle des races parentales.

Le croisement est destiné à créer une nouvelle race à partir d'anciennes (création de races ou lignées synthétiques, beaucoup de races actuelles sont historiquement issues d'un tel processus) ou à intégrer des gènes extérieurs au sein d'une population (voire de substituer par croisements successifs une race à une autre (croisement d'absorption)). Aussi, il permet la procréation d'une génération terminale d'animaux qui n'auront pas vocation à devenir reproducteurs (production de viande).

1.6. Populations

Une race est constituée d'un ensemble d'animaux d'une même espèce présentant suffisamment entre-eux de caractères héréditaires communs : morphologies, physiologies ou de production et aussi des particularités biologiques codées par des gènes majeurs (comme les caséines du lait).

Ainsi, les animaux sont dits de race pure quand ils sont issus de parents appartenant à la même race.

Chapitre II. Sélection

On appelle sélection, le Choix de reproducteurs dans une population animale à améliorer en vue d'une production accrue. On distingue la sélection phénotypique (individuelle ou généalogique) et la sélection génotypique.

La sélection phénotypique individuelle consiste à rechercher parmi les animaux composant l'effectif, ceux qui sont les mieux conformés, les plus productifs ; malheureusement, les conditions d'environnement étant actives sur le phénotype mais non héréditaires, on risque de choisir des reproducteurs chez lesquels c'est le milieu qui a provoqué ou amplifié les bons caractères. La sélection phénotypique généalogique est une extension de la précédente, elle s'applique, non seulement à l'individu, mais à ses descendants ; les écueils sont les mêmes que précédemment.

La sélection génotypique repose sur l'étude de la descendance des sujets destinés à la reproduction, cette étude est appelée test de la descendance.

2.1. Principes de bases

La population utile à la sélection est appelée base de sélection. Ce sont les individus répondant à la double condition, être :

- ✓ Identifiés pour assurer la traçabilité de l'information au cours de sa chaîne de traitement, depuis le contrôle des performances, jusqu'au calcul des index, la sélection et l'utilisation des reproducteurs ;
- ✓ Contrôlés, car l'enregistrement des performances est à la base du calcul des index.

Une base de sélection doit réunir si possible deux qualités :

- ✓ Son étendue qui conditionne les possibilités de choix parmi un nombre suffisant de candidats à la sélection ;
- ✓ La variabilité génétique du caractère sélectionné, qui détermine la supériorité génétique moyenne des individus sélectionnés pour un taux de sélection donné.

En amélioration des espèces domestiques, la sélection, est le processus par lequel certains individus sont choisis de préférence à d'autres pour engendrer la génération suivante pendant une période très longue donnée. C'est un mécanisme fondamental qui permet, à la nature et à l'homme, de modeler les attributs des animaux. Avant de se lancer dans un programme d'amélioration des cheptels, il est important de se fixer clairement des objectifs à atteindre dans le temps et dans l'espace. Pour qu'un programme de sélection ait des chances de réussite, on doit se fixer des objectifs qui sont réalistes et la dynamique doit pouvoir être maintenue sur une durée suffisante (en général plusieurs années) pour permettre à la sélection de remplir ces objectifs.

2.2. Programme et schémas de sélection

Le schéma de sélection fournit le cadre dans lequel les méthodes de sélection, quelles qu'elles soient, sont mises en pratique. Il convient ici de respecter un juste équilibre entre :

- ✓ Le coût du schéma de sélection et
- ✓ Les bénéfices que l'on peut en attendre.

Il est généralement nécessaire de faire des compromis entre ce qui est souhaitable en théorie et ce qui est possible dans la pratique. La sélection est plus efficace lorsqu'elle opère sur de grands effectifs, mais suivre les performances individuelles d'un grand nombre d'animaux peut se révéler très coûteux. Dans bien des cas, on s'aligne sur un compromis de la forme suivante :

- ✓ Concentrer l'essentiel de l'effort sur une partie de la population totale ;
- ✓ Utiliser d'autres troupeaux pour exploiter les progrès génétiques accomplis au sein du groupe privilégié ;
- ✓ Diffuser ces progrès génétiques dans la population générale.

Le choix du type de schéma et des procédures à adopter devra tenir compte du contexte régional, national ou local.

2.3. Différents types de sélection

2.3.1. La sélection massale par l'éleveur

Elle est plus facile et a ses limites qui sont en général entre autres la lenteur des progrès génétiques particulièrement pour les caractères faiblement héritables, comme les aptitudes de reproduction qui nécessite beaucoup plus de temps pour améliorer la prolificité d'une race que son format.

Appelée aussi la sélection individuelle, elle consiste à choisir des reproducteurs d'après leurs propres qualités, parmi une "masse" d'animaux. Ces qualités peuvent concerner :

- ✓ Leur aspect : conformation, mensurations, caractères raciaux, état de santé ...
- ✓ Leurs performances : croissance, travail, et pour les femelles ayant déjà reproduit, leur fécondité, leur production laitière.

2.3.2. La sélection massale des mâles

- ✓ La sélection des jeunes mâles est faite en fonction des critères suivants :
 - Ce sont des critères propres à l'individu : les animaux les plus beaux, les plus forts, les plus lourds, les meilleurs coureurs, les plus productifs etc. qui sont retenus, en fonction des objectifs recherchés ;
 - Critères liés à leurs mères : les mâles issus des femelles les plus fécondes, les plus productives en lait, en laine ou en viande sont retenus comme reproducteurs. Cette sélection appelée la sélection sur l'ascendance.
- ✓ La sélection massale des mâles est plus efficace que celle des femelles. Un mâle peut féconder plusieurs femelles. La diffusion du progrès génétique est donc plus rapide, surtout si l'insémination artificielle est possible.

De plus, l'éleveur dispose de plus de choix chez les mâles, ce qui lui permet d'exercer une pression de sélection plus forte que chez les femelles.

2.3.3. La sélection massale des femelles

Elle est beaucoup moins courante :

Chez les bovins, les taux de reproduction suffisent généralement à peine à renouveler la population d'un troupeau, rendant de fait toute sélection sur les femelles difficiles : il n'est pas souvent possible d'éliminer une reproductrice, même si ses performances sont insuffisantes.

Pour certains critères (production laitière, reproduction ...), la sélection massale ne peut s'effectuer que chez les femelles. Pour ces mêmes critères, la sélection sur descendance des mâles sera possible.

2.3.4. La sélection généalogique ou sur l'ascendance ou sur pédigrée

Elle consiste à choisir des reproducteurs d'après les performances de leurs parents.

Exemples : choisir un taureau dont la mère a une plus forte production ; choisir les boucs dans les portées doubles ou triples, indice d'une bonne prolifilité de leur mère.

Avantage :

- ✓ Contrôle les risques de consanguinité ou d'absorption par métissage ;
- ✓ Rapide et permet un choix précoce des reproducteurs ;
- ✓ Très forte intensité de sélection des mâles : mâles issus des descendants qui ont exprimé des performances intéressantes.

Limites : Il faut

- ✓ Une mise en place d'un système d'enregistrement rigoureux des filiations ;
- ✓ La précision de sélection est faible.

2.3.5. La sélection génotypique ou testage

Cette sélection consiste à choisir un reproducteur très influent (mâle utilisé en insémination artificielle) d'après les performances de ses descendants.

Exemples : un bétail d'après la croissance moyenne des agneaux qu'il a produits avec une série de brebis ; un taureau d'après la production laitière moyenne d'une série de ses descendants.

Avantage :

Cette méthode permet une précision de sélection élevée. Par exemple, la sélection de critères entraînant l'abattage est possible (rendement boucher...).

Inconvénients :

- ✓ La méthode suppose des investissements coûteux, et ne peut pas être envisagée à l'échelle individuelle ;
- ✓ C'est une méthode longue, surtout pour les caractères de performances bouchères ou laitières, car il faut attendre qu'ils s'expriment chez les produits.

2.3.6. La sélection sur les collatéraux

On choisit un reproducteur d'après les performances de ses sœurs, demi-sœurs, frères, demi-frères.

Exemple : un taureau d'après la production laitière de vaches ayant le même père ou la même mère que lui.

Avantages : C'est un mode de sélection aussi rapide que la sélection généalogique ;

Limites : Elle concerne seulement que les caractères s'exprimant vite : principalement la croissance, ou encore l'aspect, la conformation.

2.3.7. La sélection en station d'élevage

La création de stations d'élevage est un facteur d'accélération de la sélection. Les animaux doivent être dans de bonnes conditions d'alimentation et d'hygiène. Les différences de performances phénotypiques dues à leur valeur génétique sont mieux mises en évidence de même que les comparaisons des performances sont plus fiables dans un milieu homogène.

Elle comporte un certain nombre de risques tels que la perte des facteurs de rusticité (la résistance aux maladies endémiques transmissibles), la sélection d'animaux incapables d'exprimer leurs performances en conditions traditionnelles d'élevage.

2.4. Facteurs intervenants dans la sélection.

Le rythme d'amélioration des caractères quantitatifs par la sélection sur valeurs phénotypiques individuelles est influencé par trois grands facteurs :

- ✓ La différentielle phénotypique de sélection (S) : la supériorité phénotypique moyenne des parents sélectionnés par rapport à la population ou au troupeau auxquels ils appartiennent. C'est la valeur phénotypique moyenne des animaux sélectionnés comme parents exprimée en déviation à la moyenne de la population, c'est-à-dire à la valeur phénotypique moyenne de tous les animaux de la population parentale avant que la sélection soit faite ;
- ✓ L'hérabilité (h^2) : la proportion de la supériorité des parents sélectionnés qui apparaît chez leurs descendants ;
- ✓ L'intervalle de génération (I) : l'intervalle de temps entre deux générations successives au cours duquel il peut être procédé à des sélections. Ce paramètre a un impact important sur le rythme (la vitesse) des améliorations génétiques.

2.5. Objectifs de sélection

Son objectif général est très souvent l'amélioration de la productivité globale, par exemple la production de lait, de viande, la force de travail... Bon nombre de ces caractères de production peuvent être fractionnés en plusieurs composantes, dont certaines sont susceptibles de poser une limite importante à la productivité globale. Il convient alors de déterminer s'il est plus efficace d'opérer la sélection sur la base de la productivité globale ou sur celle d'une de ses composantes majeures.

2.6. Conséquences génétiques de la sélection

Le choix certains individus en préférence à d'autres pour qu'ils deviennent les parents de la future génération revient à la préférence des gènes des individus sélectionnés à ceux des autres. Cela va conduire à la modification des fréquences alléliques de la population : les allèles ayant des effets jugés positifs sur le caractère visé sont choisis au détriment des allèles dont les effets sont moins intéressants.

En ce qui concerne la plupart des caractères de production qui varient de manière continue, la sélection opère sur les gènes dont les effets sont additifs. Ces gènes constituent le principal facteur de ressemblance entre individus apparentés.

Le terme de sélection peut en outre s'appliquer à des caractères relativement simples tels que la présence ou l'absence de cornes.

Chapitre III. Croisement

Le croisement est l'accouplement entre deux reproducteurs d'une même espèce provenant de populations homogènes et génétiquement différentes : races, souches ou lignées. Un métis est le produit du croisement de deux races. Un hybride est le produit du croisement de deux espèces.

3.1. Croisement de métissage

C'est mode de croisement qui consiste à créer une nouvelle race par croisement de deux races (ou davantage), puis par accouplement entre eux des sujets obtenus.

A chaque génération on ne garde que les animaux conformes au but recherché. On peut aussi faire de temps en temps un retour à l'une des races d'origine.

Quand le type obtenu devient homogène, regroupant les qualités des races d'origine, la nouvelle race est créée.

3.2. Croisement d'amélioration

Il consiste à utiliser d'une manière momentanée des mâles d'une race B dite "améliorée" sur des femelles d'une race A.

Cette introduction de gènes nouveaux peut être renouvelée, mais non systématique. On revient toujours aux reproducteurs de la race A.

3.3. Croisement et effet d'hétérosis

Quand on croise des animaux de races différentes, leurs caractéristiques se combinent chez les descendants de la première génération : C'est la complémentarité.

Exemple : les métis issus du croisement entre la race zébu à viande et la race taurine trypanotolérante présentent des qualités appréciées des agriculteurs-éleveurs pour le travail, la production de viande et de lait.

L'hétérosis : L'expression du génotype des individus de la première génération (F1) est généralement supérieure à la demi-somme (autrement dit à la moyenne) des valeurs des génotypes parentaux, contrairement à ce qui devrait se produire s'il y avait simple addition de caractères. Cette supériorité est due au phénomène d'hétérosis que l'on explique par :

- ✓ Le croisement réduit la fréquence des allèles homozygotes (couples de gènes identiques) et augmente le nombre d'allèles hétérozygotes.

De ce fait, la plupart des caractères récessifs, défavorables, sont masqués par des caractères dominants, favorables.

C'est pourquoi les métis ont souvent des capacités génétiques nettement supérieures à la moyenne de celles de leurs deux parents.

3.4. Croisement alternatif

Le croisement alternatif consiste à choisir les femelles parmi les croisés, les mâles sont alternativement de race A et de race B. Ce qui permet la maintenance du cheptel entre les races A et B.

3.5. Le croisement d'absorption

Le croisement d'absorption ou de substitution vise le remplacement progressif d'une race A par une race B, en utilisant d'une génération à l'autre des mâles de cette race B. Les sujets obtenus sont de plus en plus proches de cette race B.

3.6. Croisement à étage ou stratifié

Un schéma de croisement stratifié permet de créer, à l'échelle régionale, différents génotypes adaptés au milieu et à ses potentialités :

- ✓ Race rustique en milieu difficile ;
- ✓ Produits rustique x laitier en milieu intermédiaire (prairies) ;
- ✓ Croisement terminal avec une race à viande en zone agricole.

De tels schémas de stratification ont pour but d'associer à chaque milieu le génotype le plus adapté.

3.7. Croisement rotationnel ou alternatif

Le croisement alternatif des femelles de race A (souvent la race locale) avec des mâles de race amélioratrice B et de race A conduit à des produits métis de meilleures aptitudes que leurs mères. Les produits de race pure permettent de reconstituer le troupeau de mères rustiques et adaptées aux conditions du milieu.

Ce schéma est rarement possible en petits troupeaux familiaux, car il suppose une parfaite maîtrise de la généalogie des animaux, et implique d'entretenir plusieurs reproducteurs

3.8. Techniques de croisement

3.8.1. L'insémination artificielle

3.8.1.1. Principe

L'insémination artificielle consiste à féconder une femelle avec du sperme prélevé préalablement sur un mâle.

Elle nécessite plusieurs étapes :

- ✓ Récolte du sperme à l'aide d'un vagin artificiel ;
- ✓ Dilution et conservation du sperme à basse température dans un centre d'insémination ;
- ✓ Insémination dans le vagin de la femelle en chaleur à l'aide d'une seringue ou pistolet d'insémination.

3.8.1.2. Avantages

- ✓ Capacité reproductrice d'un mâle est **décuplée** ;
- ✓ Diffuser rapidement des animaux sélectionnés ;
- ✓ Contrôle obligatoire de la paternité, si les femelles sont surveillées et les autres mâles castrés ;
- ✓ L'insémination artificielle est possible à tout moment alors que l'accouplement est souvent impossible (reproducteur étant trop loin, ou fatigué par une saillie récente) ;
- ✓ Le sperme congelé conserve ses propriétés plusieurs années. Il faut s'assurer de la qualité du sperme lors de la récolte de l'éjaculat ;
- ✓ L'insémination artificielle contribue à l'éradication de nombreuses maladies sexuellement transmissibles.

3.8.1.3. Difficultés

La mise en pratique d'un programme d'insémination artificielle connaît de nombreux obstacles particulièrement en régions chaudes :

- ✓ Absence des infrastructures rurales le plus souvent
- ✓ Manque de centre d'insémination ;
- ✓ Insuffisance ou absence de réseau de techniciens d'élevage pour la diffusion de la technique auprès des paysans ;

- ✓ Manque de sensibilisation et formation des paysans pour améliorer leur mode de conduite des animaux (séparation des mâles et des femelles) ;
- ✓ Absence de moyens de communication : routes, téléphone ...
- ✓ Coût élevé (il en faut généralement 2 pour obtenir la fécondation) est souvent excessif pour le petit éleveur.
- ✓ Taux de réussite très faible en élevage extensif, car on ne peut surveiller les femelles.
- ✓ La divagation des animaux constitue un risque de saillies incontrôlées, perturbant les programmes d'insémination artificielle.

3.8.1.4. Techniques

❖ Matériel

Le matériel se compose d'un pistolet d'insémination d'une longueur de 40 à 45 cm et d'un diamètre de 5 à 6mm comportant un corps externe et un mandrin interne, d'une gaine en matière plastique externe qui fixe la paillette au pistolet d'insémination au moyen d'une petite rondelle, d'une chemise sanitaire permettant d'éviter de souiller le pistolet et d'un déconglateur.

❖ Chez les vaches

L'inséminateur sort une paillette de la bomonne d'azote liquide à -196°C. Après l'avoir réchauffée par immersion dans une thermos ou décongélateur à 35°C ou 37°C pendant 30 secondes à 1 minutes, puis il en coupe l'une des extrémités et l'introduit dans la seringue spéciale ou pistolet d'insémination. La seringue est introduite au travers du col de l'utérus jusqu'au début des cornes utérines. Cette progression est guidée par la main gantée introduite par voie rectale.

Deux méthodes peuvent être utilisées :

- ⊕ La première ou voie vaginale repose sur l'emploi d'un spéculum et d'une source lumineuse permettant le dépôt du sperme dans la partie postérieure du canal cervical. Elle est pratiquement abandonnée.
- ⊕ La seconde ou voie rectale est utilisée parce qu'elle est plus rapide et plus hygiénique mais offre la possibilité d'un examen préalable du tractus génital visant à confirmer l'état œstral de l'animal (présence de follicule, tonicité des cornes...). Le col est saisi manuellement au travers de la paroi rectale. Sa tension vers l'avant permet d'éviter la formation de replis vaginaux, susceptibles d'entraver la progression du pistolet d'insémination dans la cavité vaginale. L'introduction de l'extrémité du pistolet d'insémination dans le col peut être facilitée en plaçant le pouce dans l'ouverture postérieure du col tout en maintenant ce dernier au moyen de l'index et du majeur. Une fois le col franchi, le pistolet sera aisément le cas échéant guidé vers l'une ou l'autre corne, le dépôt de la semence se fait au niveau du corps utérin.



❖ Chez les petits ruminants

Après synchronisation de l'œstrus avec éponges et PMSG le moment optimal pour une seule insémination (semence fraîche ou congelée) est 45 heures \pm 1 heure après le retrait de l'éponge. Si deux IA sont réalisées au cours du même œstrus, elles peuvent être réalisées 30 et 48 heures après retrait. Toutefois, cet horaire d'IA doit être appliqué seulement aux races laitières. Pour les races chez lesquelles aucun traitement hormonal n'a été étudié, il est nécessaire de tester différents horaires d'insémination, afin de trouver le mieux adapté, ou bien de préciser le moment d'apparition de la décharge pré ovulatoire de LH. Après détection de l'œstrus naturel, il est recommandé d'inséminer les femelles 12 et 24 heures après la première détection.

- ✓ Semence fraîche : une seule IA avec 150 x 106 spermatozoïdes contenus dans une mini paillette de 0,25 ml. ;
- ✓ Semence congelée: une IA avec un total de 100 x 106 spermatozoïdes contenus dans une paillette moyenne de 0,25 ml; ou deux IA (chèvre Saanen avant le 15 juin) avec 2 x 200 x 106 spermatozoïdes déposés dans une paillette moyenne de 0,50 ml.

La semence doit être déposée à l'entrée du cervix (brebis ou des chèvres) ou, si possible, dans l'utérus (pour une minorité de chèvres).



ENATE: TSEET/LPE, 2025