



**HAL**  
open science

# Indexation du caractère "trayon surnuméraire" pour les races caprines Saanen et Alpine

Amaury Duflos

► **To cite this version:**

Amaury Duflos. Indexation du caractère "trayon surnuméraire" pour les races caprines Saanen et Alpine. Autre [q-bio.OT]. 2019. hal-02789024

**HAL Id: hal-02789024**

**<https://hal.inrae.fr/hal-02789024v1>**

Submitted on 5 Jun 2020

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



**Indexation du caractère « trayon surnuméraire »  
pour les races caprines Saanen et Alpine.**

DUFLOS Amaury | Septembre 2019

Sous la direction de Virginie Clément et Isabelle Palhière



**Capgenes**



**INRA**  
SCIENCE & IMPACT



**INSTITUT DE  
L'ELEVAGE idele**



# Remerciements

---

Je tiens à remercier mes encadrants et tuteurs Isabelle Palhière et Virginie Clément pour le soutien qu'elles ont su m'apporter pour produire ce rapport, pour les connaissances qu'elles m'ont partagées mais aussi pour le temps partagé avec moi.

Un grand merci aux deux pointeurs caprins, Méganne Parthenay et Vincent Gousseau, qui m'ont permis, lors de 2 demi-journées, de découvrir le pointage caprin et m'ont accordé de leur temps pour répondre aux questions d'ordre pratique. Merci aussi aux deux exploitations où les deux rencontres ont eu lieu.

Je tiens également à remercier Ingrid David lors de l'étude des modèles binaire mais aussi Ignacy Misztal (université de Géorgie) et Andres Legarra (INRA) pour l'accès aux programmes blupf90 et accf90GS, sans qui je n'aurais pu effectuer d'indexation.

# Table des matières

<b>I.</b>	<b>INTRODUCTION</b>	<b>1</b>
1.	PRESENTATION DES ENTREPRISES D'ACCUEIL	1
A.	<i>Idele</i>	1
B.	<i>INRA</i>	1
C.	<i>UMT GPR</i>	2
2.	CONTEXTE DE L'ETUDE	2
A.	<i>Les trayons surnuméraires chez différentes espèces</i>	2
i.	Chez les caprin	2
ii.	Chez les ovins	3
iii.	Chez les bovins	3
iv.	Chez les porcins	3
B.	<i>Les différents types de trayons surnuméraires</i>	4
C.	<i>Le développement mammaire embryonnaire des trayons surnuméraires</i>	5
D.	<i>Approche génétique des trayons surnuméraires</i>	6
i.	Risque sanitaire et impact économique	7
ii.	Maîtrise de la polythélie au sein des élevages	7
E.	<i>Principe de la sélection génétique</i>	8
i.	Le pointage morphologique	8
ii.	L'indexation	8
iii.	Le schéma de sélection caprin	10
3.	PROBLEMATIQUE	11
<b>II.</b>	<b>MATERIELS ET METHODES</b>	<b>12</b>
1.	DONNEES UTILISEES	12
A.	<i>Table des pointages faits par CAPGENES</i>	12
B.	<i>Jeu de données pour la recherche des facteurs de variation et l'estimation des paramètres génétiques</i>	12
C.	<i>Données utilisées pour l'indexation</i>	13
2.	METHODES UTILISEES	13
A.	<i>Analyse descriptive</i>	13
B.	<i>Recherche des facteurs de variation et estimation des paramètres génétiques</i>	13
i.	ANOVA	13
ii.	WOMBAT	14
iii.	THRIGIBBS1F90	14
C.	<i>Indexation</i>	14
i.	Modèle Linéaire	14
i.	Modèle Binaire	15
<b>III.</b>	<b>RESULTATS</b>	<b>16</b>
1.	ETAT DES LIEUX DU CARACTERE TRFS EN FRANCE	16
2.	ANOVA	17
A.	<i>Les facteurs de variation de la présence de trayons surnuméraires</i>	17
B.	<i>Impact des facteurs de variation sur la fréquence des trayons surnuméraires</i>	17
i.	Classe du stade de lactation	18
ii.	Âge de la mère à la naissance	18
3.	ESTIMATION DES PARAMETRES GENETIQUES	18

A.	<i>Héritabilités issues du modèle linéaire</i> .....	18
B.	<i>Héritabilités issues du modèle binaire</i> .....	19
C.	<i>Corrélation génétique entre TRS et TRF</i> .....	19
D.	<i>Corrélations génétique et phénotypiques entre le caractère TRFS et les postes morphologiques</i> .....	19
4.	INDEXATION .....	20
A.	<i>Comparaison des index entre le modèle linéaire et binaire</i> .....	20
B.	<i>Corrélation des index avec la performance</i> .....	20
C.	<i>Etude des index issus du modèle linéaire</i> .....	21
i.	Evolution des index linéaires au cours des campagne de pointage .....	21
ii.	Etude des 3 populations de père indexés.....	21
<b>IV.</b>	<b>DISCUSSION</b> .....	<b>22</b>
1.	ANALYSE DESCRIPTIVE .....	22
2.	RECHERCHE ET ETUDE DE FACTEURS DE VARIATION DES TRAYONS SURNUMERAIRES (TRFS).....	23
3.	LES PARAMETRES GENETIQUES .....	24
A.	<i>Héritabilités</i> .....	24
B.	<i>Corrélations</i> .....	24
4.	CHOIX DE L'ÉVALUATION GENETIQUE .....	25
A.	<i>Comparaison des index entre le modèle linéaire et binaire</i> .....	25
B.	<i>Corrélation des index issus des deux modèles avec la performance</i> .....	25
C.	<i>Etude des index issus du modèle linéaire</i> .....	25
<b>V.</b>	<b>CONCLUSIONS ET PERSPECTIVES</b> .....	<b>26</b>



# I. Introduction

## 1. Présentation des entreprises d'accueil

Le projet effectué lors de ces 5 mois a été encadré par 2 personnes issues de deux entreprises différentes, l'Institut National de Recherche Agronomique (INRA) et l'Institut de l'Élevage (Idele) qui, sous l'impulsion d'une troisième entreprise CAPGENES, me proposèrent ce stage sur l'indexation d'un nouveau caractère de morphologie dans l'espèce caprine. Lors de cette partie je présenterais les deux entreprises et mes deux encadrantes qui m'ont accompagnées tout au long de ce stage.

### A. Idele

Commençons par l'entreprise à laquelle j'ai été rattaché administrativement : l'idele. Cet organisme présente le statut juridique d'une association (loi de 1901), qui a pour objectif d'améliorer la compétitivité des élevages et de leurs filières. Cette association axe principalement son travail autour des filières animales herbivores en apportant un appui technique au travers de conseils (documents technique) et de recherches. L'idele se pose alors comme principal objectif de faire évoluer perpétuellement le monde agricole face aux nouvelles attentes en s'entourant de nombreux autres acteurs agricoles comme l'INRA.

Au sein de cet organisme, ma tutrice Virginie Clément, occupe le poste de chef de projet en l'évaluation génétique des caprins (service Méthode d'Évaluations Génétiques et Applications).

### B. INRA

La deuxième entreprise à m'avoir accueilli et reçu tout au long de ce stage est l'INRA. Cet institut de recherche scientifique publique, dépendant du ministère de la Recherche et de l'Agriculture, a 6 grandes missions nationales et européennes :

- Etablir et partager les connaissances scientifiques collectées
- Encourager la recherche par la formation de collaborateurs
- Apporter une expertise scientifique sur des sujets d'ordre publique
- Encourager l'innovation en construisant et alimentant un réseau de partenaires
- Contribuer à la stratégie de recherche européenne et nationale
- Entretenir un dialogue entre le domaine des sciences et la société.

Durant les 5 mois passés j'ai ainsi intégré une des 11 Unité Mixte de Recherche de l'INRA connue sous le nom de GenPhySE (Génétique Physiologie et Systèmes d'Élevage) et parmi cette unité j'ai fait partie de l'équipe GeSPR (Génétique et Sélection des Petits Ruminants) qui est une des 11 équipes de recherches qui compose GenPhySE. Ces unités, bien que distinctes se retrouvent régulièrement

Tableau 1 : Evolution de l'effectif et de la fréquence des femelles phénotypées nées entre 2005 et 2007 présentant un caractère de polythélie pour les races Saanen et Alpine d'après Martin et al. (2016).

Année de naissance	2005		2006		2007	
	Fréquence	N	Fréquence	N	Fréquence	N
Saanen	3.9 %	286	4.3 %	335	4.0 %	330
Alpine	4.3 %	427	4.3 %	461	4.1 %	499

autour de thématiques communes qui nécessitent l'apport de connaissances et d'expertises de plusieurs parties ; ces équipes fonctionnent en collaboration. L'équipe GeSPR travaille autour des thématiques en lien avec la génétique quantitative des races caprines et ovines et se donne pour principale mission de mieux comprendre la composante génétique de ces espèces ainsi que de trouver des facteurs génétiques pertinents pour les filières concernées.

Ma seconde tutrice, Isabelle Palhière, travaille dans l'équipe GeSPR à l'INRA. Elle se voit ainsi imputer la tâche de communiquer des différentes recherches faites auprès des entreprises en relation avec l'INRA, principalement pour l'espèce caprine.

### C. UMT GPR

L'Unité Mixte Technologique « Génétique pour un élevage durable des Petits Ruminants » (UMT GPR) est une unité exclusivement implantée à Toulouse et correspond à la collaboration de l'idele et de l'INRA sur une durée de 5 ans (2018-2022) autour de nouveaux enjeux.

Ces enjeux se réfèrent à l'adaptation du dispositif génétique suite à l'évolution du Règlement Zootechnique Européen, mais aussi dans le choix de sélection de nouveaux caractères relatifs à la robustesse tout en intégrant la diversité des exploitations et le phénotypage de précision.

## 2. Contexte de l'étude

Le trayon surnuméraire, aussi appelés polythélie, est une anomalie relative à la morphologie mammaire. Aussi bien présente chez le genre masculin que féminin, elle touche tous les mammifères y compris l'Homme. Toutefois au sein des productions animales des fréquences variables peuvent être observées selon l'espèce ou la race.

### A. Les trayons surnuméraires chez différentes espèces

#### i. Chez les caprin

Dans la bibliographie, la race a un fort impact sur la présence ou l'absence de trayons surnuméraires dans l'espèce caprine, comme dans l'espèce bovine. Les fréquences actuelles pour les races Alpine et Saanen se trouvent aux alentours de 3-4 % en France d'après Martin *et al.* (2016) bien qu'elles aient approchées les 4,5% en 2006 (tableau I). Ces taux sont relativement faibles comparés à la race Saanen Turque qui présente une fréquence de trayons surnuméraires de 17,1%, d'après Brka *et al.* (2007), parmi 398 chèvres issues du schéma de sélection.

Cependant d'autres races d'Afrique, comme la Kalahari Red ou la West African Dwarf présentent aussi des trayons surnuméraires d'après Bemji *et al.* (2016) et comptent des pourcentages variables du nombre de trayons surnuméraires : 15,2% des chèvres ont 1 trayon surnuméraire, 57,6% 2 trayons surnuméraires et 9,1% trois.



Au Ghana, une fréquence de 29,7 % des trayons surnuméraires a été observée pour les races locales Forest, Soudan, Nungua à tête noire et leurs croisements.

Bien que des taux record soient atteints en Afrique, nous pouvons noter qu'à Bihar en Inde, (seconde ville présentant la plus importante population de caprins du pays), le taux de trayons surnuméraires s'élève à 1,65 % sur une population totale de plus de 1500 têtes mâles et femelles confondus selon Chakrabarti *et al.* (2014).

Nous remarquons que le caractère de la polythélie présente une grande variabilité de sa fréquence d'apparition intra-espèce. Il semble aussi possible d'atteindre plus de 2 trayons surnuméraires pour certains individus appartenant à une population où la fréquence de trayons surnuméraires est déjà élevée.

#### ii. Chez les ovins

Les races ovines présentent, quant à elles, des taux plus importants de polythélie. C'est le cas par exemple en Nouvelle-Zélande et Finlande où 17-20% des brebis de race Finnsheep et Coopworth présentent un ou plusieurs trayons surnuméraires d'après Maijala et Kyle (1998). Ces chercheurs ont trouvé que la fréquence des brebis présentant plus de deux trayons surnuméraires augmentait avec la sélection sur ce même caractère. Des recherches en Chine portées par Zhang *et al.* (2019) sur la race Hu-Sheep, race hyperprolifère et présentant un taux de trayons surnuméraires très important, ont été effectuées dans le but d'obtenir une production laitière plus conséquente et d'améliorer les qualités maternelles des femelles, particulièrement leur capacité à mater un plus grand nombre d'agneaux. Cette étude du développement des trayons surnuméraires et des mécanismes hormonaux a pu mettre en avant l'action de quatre hormones qui seront abordées plus tard dans la bibliographie.

#### iii. Chez les bovins

Chez les bovins, il existe une variabilité inter-race de l'apparition des trayons surnuméraires semblable à celle des caprins. Il a pu être observé par Brka *et al.* (2002) une fréquence moyenne de 44,3% chez les Simmentals allemandes et 31,2% pour les brunes Suisses allemandes, des taux relativement élevés similaires aux races caprines originaires d'Afrique

#### iv. Chez les porcins

Pour l'espèce porcine, la présence de trayons surnuméraires est fréquente. Le nombre de trayons primaires est nettement plus important et lié à une zone mammaire plus facilement sujet à des erreurs de différenciation. Toutefois, tout comme pour l'espèce ovine, des recherches ont été effectuées comme celle de Duijvesteijn *et al.* (2014) pour améliorer les qualités maternelles et permettre aux truies de mater plus de petits. Ils se sont alors intéressés au fonctionnement hormonal et les QTL en lien

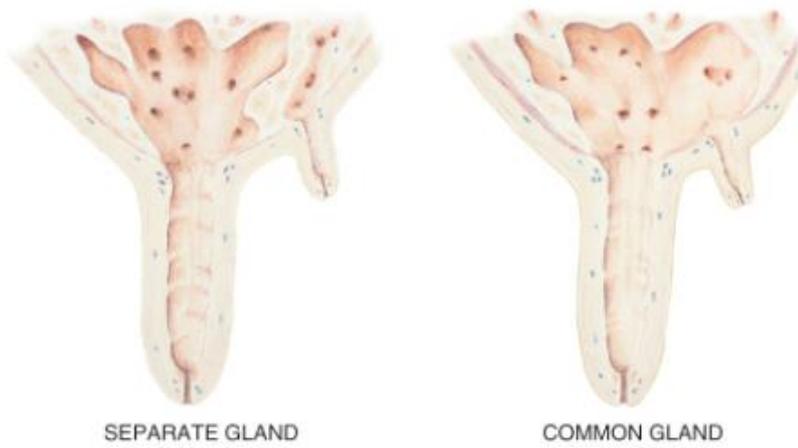


Figure 1 : Schéma de deux types de trayons surnuméraires fonctionnels. « Separate gland » : glande séparée / « Common gland » : glande commune. (Source : Moroni,2018)

avec le développement mammaire embryonnaire. Ce point tout comme pour les ovins sera abordé plus tard.

## B. Les différents types de trayons surnuméraires

Anatomiquement, un trayon surnuméraire est similaire à un trayon normal : il est relié soit à une petite glande mammaire surnuméraire soit à une glande mammaire normale par le biais d'un canal auxiliaire. Il correspond à un dédoublement d'organes mammaires suite à un défaut de régression des mamelons embryonnaires. Deux types de trayons surnuméraires (TRFS) sont observés : ceux fonctionnels (TRF) et ceux non-fonctionnels (TRS).

Ces deux types de trayons surnuméraires se distinguent par leur fonctionnalité, l'un pouvant entraîner une éjection du lait présent dans la mamelle (trayon fonctionnel) l'autre n'étant qu'un trayon « annexe » présentant des ébauches de sphincter pour les plus développés mais ne pouvant pas participer à l'éjection du lait (trayon non fonctionnel). Cependant, d'après Moroni *et al.* (2018), ces deux principales catégories peuvent être déclinées en sous catégories de trayons surnuméraires fonctionnels ou non fonctionnels.

En effet, comme on peut le constater sur la figure 1, des différences de polythélie fonctionnelles existent. Elles reposent sur une constitution et une organisation mammaire différente. Sur la figure 1, deux trayons surnuméraires fonctionnels sont présentés, à gauche une polythélie possédant une réserve propre de lait (glande mammaire secondaire) et à droite une polythélie sans réserve propre de lait et présentant un lien direct avec la glande mammaire primaire. Pour les trayons surnuméraires non fonctionnels, la distinction de sous-catégories reste à prouver, les seuls éléments les différenciant étant leur longueur ou leur position sur la mamelle.

Des facteurs de fonctionnalité de ces TRFS ont été étudiés au travers de plusieurs travaux de recherches dans l'espèce ovine, principalement ceux de Maijala et Kyle (1998). Ces recherches ont permis de trouver une corrélation entre la distance de séparation des trayons, ainsi que leurs longueurs et leurs activités. Toutefois, bien que ceux-ci puissent produire du lait et accueillir un petit supplémentaire sous la mère, ils n'ont pu en rien augmenter la production laitière de manière significative, l'apparition d'un trayon supplémentaire réorganisant, voire rééquilibrant la répartition des différentes glandes mammaires déjà présentes.

D'autres termes apparaissent souvent avec le terme de polythélie comme la polymastie, qui correspond à l'apparition d'un quartier supplémentaire à la mamelle. Dans la bibliographie, la définition de quartier reste vague et variable. Eble (2012) la définit comme une entité anatomique distincte et indépendante des autres quartiers par un sillon correspondant à l'ensemble trayon et glande mammaire. Ne possédant

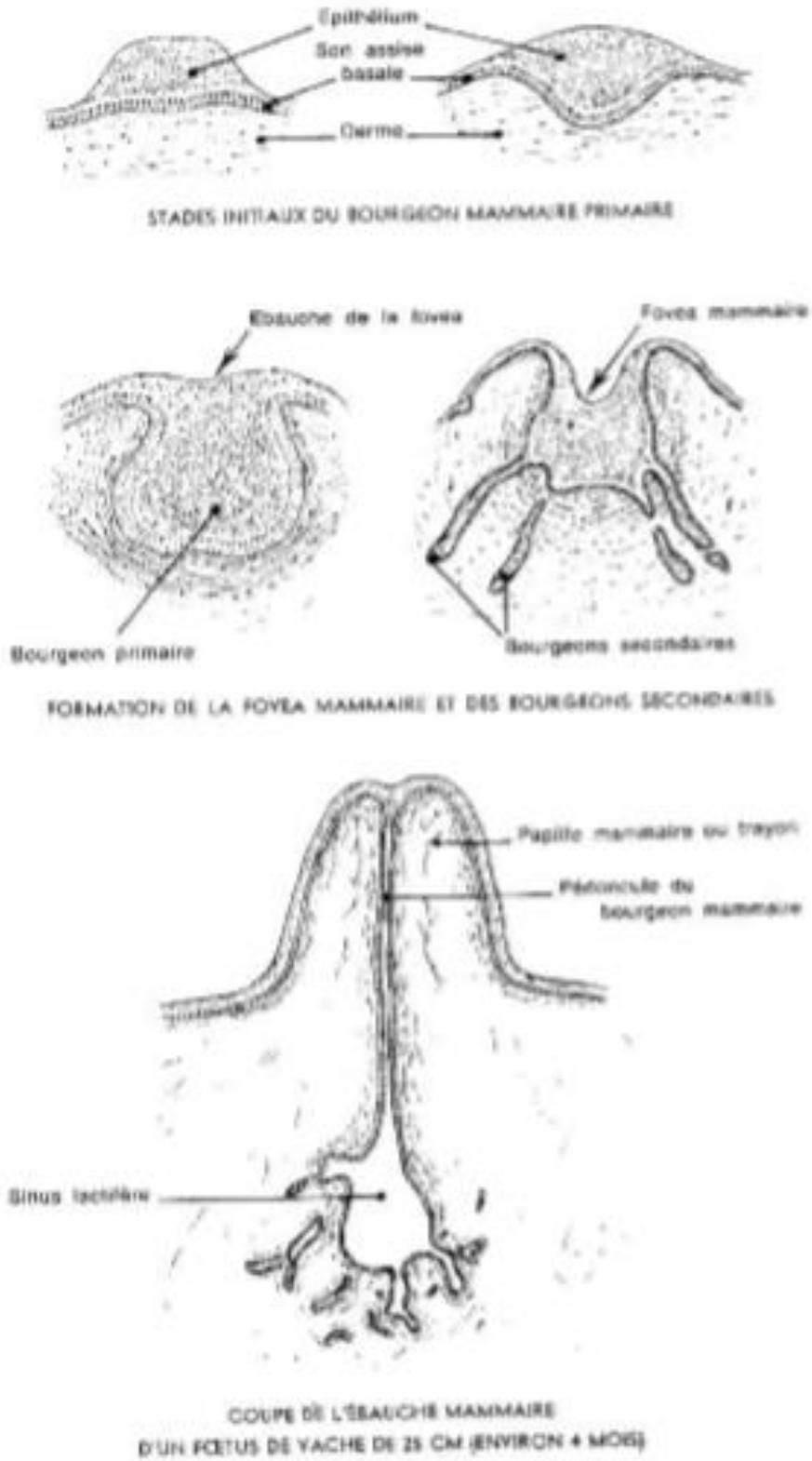


Figure 2 : Schéma des étapes de développement et de différenciation des trayons (Source : Barone, 1990)

pas de sillon séparant les éventuels trayons surnuméraires des trayons primaires, il est alors difficile d'associer ces deux termes.

### C. Le développement mammaire embryonnaire des trayons surnuméraires

Les études sur ce sujet se distinguent en 2 groupes : les études portées sur le fonctionnement an hormonal et celles sur le développement hormonal. Voici les 3 étapes de la formation des trayons et de la mamelle lors de la vie fœtale (an hormonale) chez le bovin laitier (Barone, 1990), ce processus est illustré par la figure 2.

1. Apparition de deux crêtes mammaires en région ventrale avec des bourgeons mammaires primaires (différenciation en nodules de l'ectoderme).
2. Disparition des crêtes et de la plupart des bourgeons pour ne laisser que deux bourgeons primaires inguinaux qui seront par la suite les deux quartiers de la mamelle.
3. Développement des bourgeons secondaires pour former, en profondeur et aux alentours des bourgeons primaires, des ébauches de ce qui sera plus tard des conduits et des alvéoles qui donneront la glande mammaire de l'individu.

Les trayons surnuméraires se développent entre les étapes 2 et 3. Lors de ce processus, il peut y avoir un dérèglement hormonal entraînant, lors de la 2<sup>ème</sup> étape, une différenciation de plus de 2 bourgeons primaires inguinaux. De plus, selon la localisation de ce bourgeon surnuméraire une différenciation des parties secondaires (canaux alvéoles) est alors potentiellement plus simple, donnant ainsi lieu à une différenciation du trayon surnuméraire fonctionnel ou non-fonctionnel.

Les bourgeons surnuméraires les plus proches des trayons primaires pourraient bénéficier des bourgeons secondaires se différenciant en canaux et alvéoles nécessaires pour le trayon primaire, ainsi ces bourgeons surnuméraires donneront de manière plus importante des trayons surnuméraires fonctionnels. Les trayons surnuméraires relativement plus éloignés des bourgeons primaires seront quant à eux plus facilement des trayons surnuméraires non fonctionnels, la distance des bourgeons surnuméraires et des bourgeons primaires pourrait alors définir la fonctionnalité de ceux-ci (évoqué précédemment).

Les études portant sur l'activité hormonale induisant le développement des trayons surnuméraires sont rares mais Zhang *et al.* (2018) ont montré sur une race ovine chinoise hyperprolifique des différences d'intensité d'expression entre des récepteur de protéines (impliquées dans le développement mammaire). Malgré des niveaux de productions laitières similaires l'expression de deux récepteurs PRLR (prolactine receptor) et GHR (growth hormone receptor) semblait nettement plus importante chez la population Hu-Sheep avec trayons surnuméraires que la population sans trayon surnuméraire, ce résultat était expliqué par les chercheurs comme lié à un

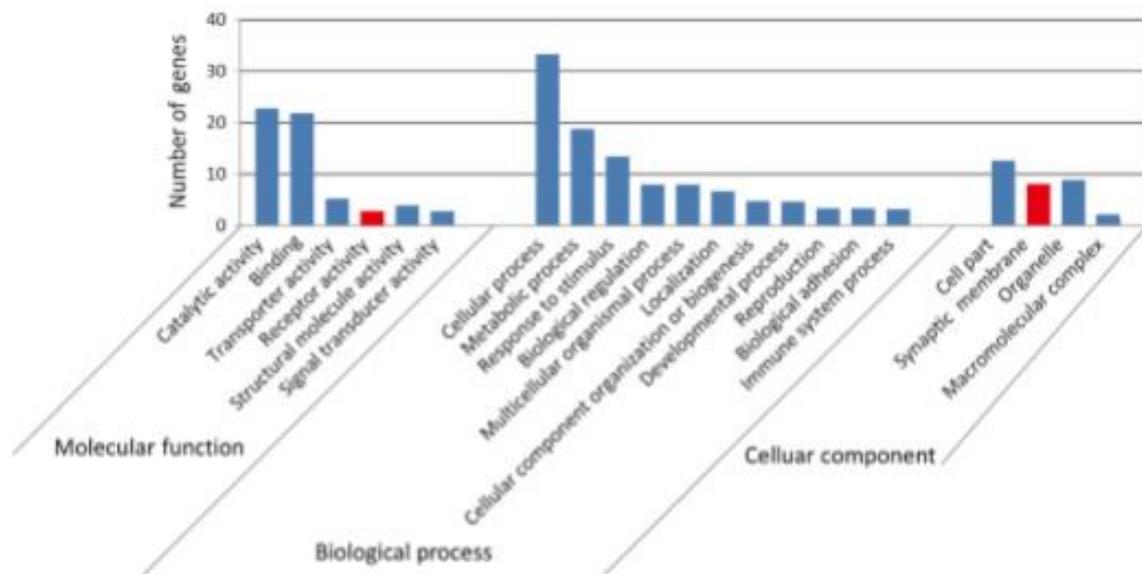


Figure 3 : Nombre de gènes impliqués dans les trayons surnuméraires selon les fonctions biologiques contrôlées. En rouge : les régions significatives. (Source : Peng et al., 2017)

développement plus important de la glande mammaire chez les individus porteurs de la tare.

#### D. Approche génétique des trayons surnuméraires

Une analyse génétique a été réalisée chez les races Saanen et Alpine par Martin *et al.* (2016). Dans ces deux principales races caprines françaises l'héritabilité des trayons surnuméraires caprin a été estimée à 0,44 chez les Saanen et 0,40 chez les Alpines. Chez la race Saanen Turque, une héritabilité de 0,34 a été estimée par Brka *et al.* (2007). Tout comme pour la fréquence d'apparition des trayons surnuméraires, une variabilité de l'héritabilité importante est notable chez les caprins.

D'après Martin *et al.* (2016), le caractère « trayon surnuméraire » possède un déterminisme polygénique, sans présence de gène majeur. Ainsi 17 régions chromosomiques appartenant à 10 chromosomes différents ont un effet significatif dans le développement de la polythélie.

Une étude dans l'espèce ovine (Peng *et al.*, 2017) montre aussi un déterminisme polygénique des trayons surnuméraires avec 63 SNPs significatifs répartis sur 26 chromosomes différents. De plus, cette étude met en avant les fonctions de l'organisme dans lesquels ces régions interviennent, la majeure partie impactant le processus de prolifération des cellules (figure 3).

Deux catégories sont significatives et correspondent à trois gènes identifiés dans une étude GWAS (genome-wide association study) : GRM3, GRID1 et GRIK2.

Pour l'espèce porcine, ce caractère est aussi polygénique et possède une héritabilité proche de celle des caprins. Duijvesteijn *et al.* (2014) ont estimé en race Large White une héritabilité de 0,42 et ont montré que 212 SNPs (Single-Nucleotide Polymorphism) étaient impliqués dans le déterminisme génétique de ce caractère, dont 170 définis sur 39 QTL sur 13 chromosomes. Toutes ces régions expliquent 9,5% de la variance génétique.

En revanche, dans l'espèce bovine, la bibliographie semble plus partagée entre la présence d'un gène majeur responsable de la polythélie sur le chromosome 5 et l'impact de plusieurs gènes quant à l'apparition de ce caractère comme montré par l'étude de Butty *et al.* (2017).

En conclusion, le caractère « trayon surnuméraire » a une origine génétique, en particulier dans l'espèce caprine. Il semble donc possible d'envisager une sélection génétique pour réduire la fréquence d'apparition de cette tare dans les élevages. Intérêt pour la suppression de cette tare



#### i. Risque sanitaire et impact économique

Selon Bouillot (2006), la présence de polythélie représente un risque conséquent pour les éleveurs laitier car elle constitue un réservoir de germes et contribue à l'infection des mamelles. Ainsi, trayons surnuméraires fonctionnels comme non fonctionnels représentent tous deux un risque certain. Cependant selon une étude de Brka *et al.* (2002) les TRF ont un potentiel d'infection plus important suite à la présence de lait et d'absence de traite. Ce danger peut entraîner chez des producteurs de lait frais de gros problèmes du fait de l'absence de pasteurisation (ou débactérisation thermorégulée) de leurs produits.

Les retombées sanitaires ont aussi des retombées économiques. En effet, avec une quantité trop importante de cellules dans le lait, les laiteries pénalisent l'agriculteur par un malus sur le prix total du lait.

En France, bien que les cellules somatiques soient prises en compte au niveau du schéma de sélection (mise en place d'une indexation en 2013), il est important d'éliminer tous les facteurs de risques d'apparition des infections mammaires.

#### ii. Maîtrise de la polythélie au sein des élevages

Cette anomalie de l'appareil mammaire, fait l'objet d'une forte sélection chez les élevages reproducteurs comme producteurs où les chevreaux et chevrettes sont immédiatement écartées du circuit de reproduction.

Chez les bovins, cette anomalie est le plus souvent supprimée par la pose d'un élastique (comme celui pour la coupe des queues de mouton) ou par la découpe de celui-ci par du matériel plus ou moins chirurgical d'après Maitre *et al.* (2015). Cette pratique ne s'effectue que si le trayon surnuméraire pose un problème lors de la traite (trop proche du trayon primaire).

Toute femelle présentant un trayon surnuméraire se voit attribuée la qualification « X ». Elle est alors retirée du schéma de sélection pour CAPGENES et l'éleveur ne l'utilisera plus comme reproductrice. Il pourra décider de la réformer selon son niveau de production. L'éleveur n'est pas le seul impacté économiquement. L'organisme de sélection dans le choix de ses boucs à génotyper ne va garder que des mâles sans tares issus d'accouplements programmés. La présence d'un trayon surnuméraire entraîne ainsi l'élimination de 4,7 % des boucs nés d'accouplements programmés en race Saanen et 8,5 % en race Alpine selon Martin *et al.* (2016). Pour Capgènes, la conséquence est une perte de charge au niveau du schéma de sélection et une réduction du progrès génétique.

En résumé, nous observons que les méthodes actuelles (hors réforme) sont des actions post-observations, avec le recours à des méthodes plus ou moins chirurgicales qui, en contexte d'évaluation continue du bien-être animal, se veulent être très

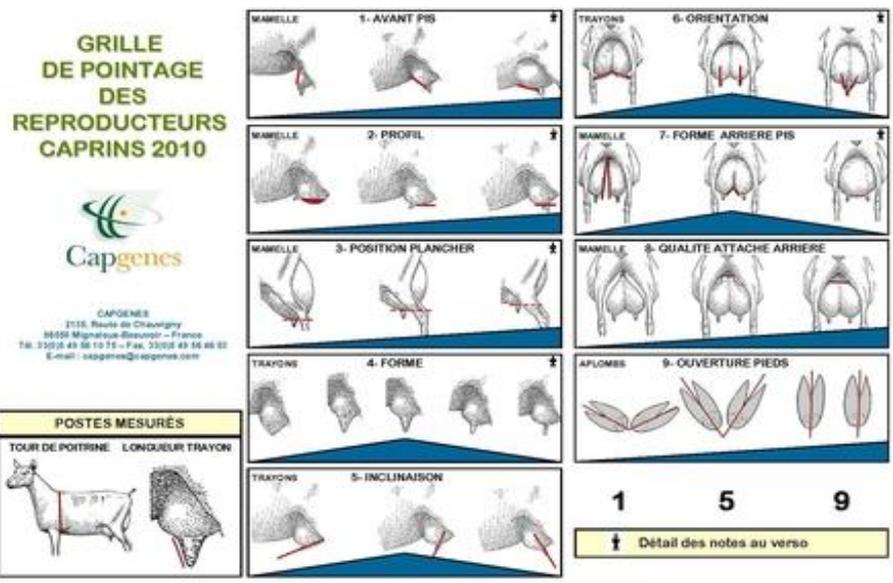


Figure 4 : Grille de pointage des reproducteurs caprin en 2010. (Source : CAPGENES).

Tableau 2 : Index génomique moyen des mâles Saanen en 2019 et leur évolution avec l'année passée. Source : CAPGENES

LAIT	MP	MG	TP	TB	ICELL	IPC	IMC	ICC
<b>103</b> (-7)	<b>3.8</b> (-0.1)	<b>4.2</b> (-0.1)	<b>0.8</b> (+0.2)	<b>0.9</b> (+0.3)	<b>105</b> (+4)	<b>151</b> (+1)	<b>105</b> (+3)	<b>5.9</b> (+0.4)

Tableau 3 : Index génomique moyen des mâles Alpains en 2019 et leur évolution avec l'année passée. Source : CAPGENES

LAIT	MP	MG	TP	TB	ICELL	IPC	IMC	ICC
<b>106</b> (+10)	<b>4.4</b> (+0.2)	<b>4.2</b> (=)	<b>1.2</b> (-0.1)	<b>0.7</b> (-0.3)	<b>104</b> (+1)	<b>158</b> (+2)	<b>108</b> (+1)	<b>6.6</b> (+0.3)

controversées. La sélection génétique pour réduire l'apparition de cette tare s'avère être une piste intéressante.

## E. Principe de la sélection génétique

La sélection génétique des animaux pour un caractère donné consiste à repérer les animaux les plus performants pour ce caractère et à les choisir préférentiellement pour produire la génération suivante. L'indexation au sein de la sélection génétique a pour rôle d'estimer le potentiel génétique des futurs reproducteurs en se basant sur leurs performances.

### i. Le pointage morphologique

Actuellement deux types de performances sont contrôlées en caprin, il s'agit du contrôle laitier réalisé par les ECEL (Entreprises de Conseil en Elevage) et du pointage morphologique, réalisé par Capgènes. Les performances laitières mesurées sont la quantité de lait produite, les quantités de matières grasse et protéique, les taux butyreux et protéique. Le pointage morphologique consiste en 9 postes évalués à l'aide d'une grille de notation et 2 postes mesurés (figure 4).

A l'exception du tour de poitrine et de l'ouverture des pieds, la table de pointage permet de décrire la mamelle dans son ensemble. Le pointage est réalisé en élevage par des techniciens de Capgènes.

### ii. L'indexation

L'indexation est l'estimation de la valeur génétique d'un animal pour un caractère donné, ici le trayon surnuméraire. Elle traduit alors l'ensemble des effets des gènes pour ce caractère en se basant sur les performances mesurées des individus et leur généalogie. Un index est alors la valeur génétique la plus fiable permettant aux éleveurs et organismes de sélectionner les meilleurs individus selon les objectifs fixés.

La méthode actuelle d'évaluation génétique des animaux laitier en France est la méthode BLUP (Best Linear Unbiased Predictor) appliquée au modèle animal développée par le département de Génétique Animale de l'INRA.

#### a. Les index caprins

L'index de synthèse caprin est appelé ICC (Index Combiné Caprin), il constitue ainsi le critère de sélection économique retenu par la filière en race Alpine et Saanen. Comme observable sur les tableaux 2 et 3, ces index sont exprimés par écart avec la base mobile qui est constituée de femelles nées entre l'année N-6 et N-3

#### **Race Alpine**

$$ICC = IPC + 0,5 IMC$$

#### **Race Saanen**

$$ICC = IPC + 0,6 IMC$$



Cet index est composé de deux index de synthèse, l'un pour la production nommé « index de production caprin » et l'autre pour la morphologie mammaire nommé « index morphologique mammaire ».

- L'IMC, l'index morphologique caprin. (Index de synthèse)
- L'IPC, l'index production caprin. (Index de synthèse)
  - Index taux protéique (index élémentaire)
  - Index taux butyreux (index élémentaire)
  - Index matière grasse (index élémentaire)
  - Index matière protéique (index élémentaire)

Les index élémentaires de production sont au nombre de 5 : la quantité de lait, la matière protéique, le taux protéique, la matière grasse et le taux butyreux. 4 d'entre eux sont combinés dans un index synthétique, l'IPC.

$$IPC = MP + 0,4 TP + 0,2 MG + 0,1 TB$$

5 index de morphologie sont combinés dans un index synthétique, l'IMC : le profil de la mamelle (PRM), la hauteur au plancher (PLA), la largeur de l'attache arrière (AAR), l'avant pis (AVP) et l'orientation des trayons (ORT).

$$IMC = PRM + PLA + AAR + AVP + ORT$$

#### *b. L'indexation génomique*

L'indexation génomique dans la filière caprine française a pu être possible grâce à la création d'une puce à SNP (Single Nucleotide Polymorphism) et la constitution d'une population dite de référence. La puce caprine, nommée « GoatSNP50 BeadChip », utilise plus de 52 000 SNP différents dans tout le génome caprin. Elle a été développée Illumina, suite au séquençage du génome caprin et à la création d'un Consortium International, l'IGGC (International Goat Genome Consortium). L'indexation génomique s'appuie sur une population de référence constituée par des animaux dont les performances et le génotype sont connus. Pour la filière caprine française, la population de référence correspond à l'ensemble des boucs d'IA qui sont génotypés à l'aide de la puce 50K et dont on connaît les performances de leurs filles.>

Ainsi en comparaison à une sélection classique, la sélection génomique a de nombreux atouts :

- Une augmentation de la fiabilité des index en prenant en compte l'information apportée par les génotypes : le CD des jeunes boucs est ainsi augmenté de 30% en moyenne par rapport à leur CD estimé uniquement sur ascendance
- Une réduction de l'intervalle de génération (3,5 ans en IA au lieu de 5 ans) car les boucs sont utilisés plus tôt qu'en sélection classique où il fallait attendre le résultat du testage sur descendance.
- Une augmentation de l'intensité de sélection de 15%.

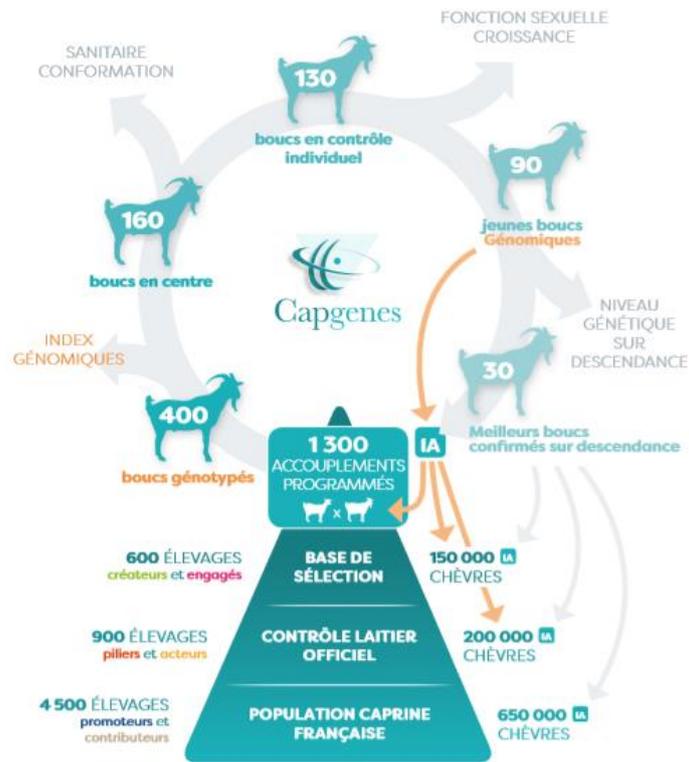


Figure 5 : Schéma de sélection caprin pour les races Alpine et Saanen confondues. (Source : CAPGENES)

Cette méthode permet dans sa globalité d'accélérer le progrès génétique de la filière de 25% et ainsi d'intégrer de nouveaux index.

### iii. Le schéma de sélection caprin

Capgènes est une entreprise chargée de la sélection de l'ensemble des races caprines françaises et est le seul producteur de semence caprine en France. Pour se faire, cette entreprise regroupe 13 coopératives au sein du territoire français pour lui permettre la couverture la plus importante qu'il soit.

Elle a pour principal objectif l'amélioration génétique des races Alpine et Saanen grâce à l'entretien d'un schéma de sélection pour ces deux races majoritaires dans le pays. Les races à plus faible effectif obtiennent tout de même un appui technique de la part de CAPGENES et font l'objet de plus en plus de projets. Cette entreprise ayant pour travail la sélection, elle se voit alors imputée du pointage de l'ensemble des caprins inscrits dans le schéma de sélection et participe naturellement à la détection des TRFS. Le schéma de sélection des races Alpine et Saanen repose sur la procréation de jeunes boucs issus d'accouplements programmés. Chaque année le nombre d'accouplements programmés est déterminé en fonction du nombre de boucs nécessaires pour effectuer les inséminations artificielles de l'année mais aussi pour permettre d'appliquer une sélection prévue par l'organisme à chaque étape. 5 étapes se distinguent comme présenté sur la figure 5.

Une première sélection est effectuée parmi les descendants, avant qu'ils soient génotypés, sur la présence de tare, tout jeune porteur d'une tare est alors écarté. Ensuite ils seront évalués sur leur index génomique, leur niveau sanitaire et de conformation/croissance, mais aussi sur leurs aptitudes de reproduction et le niveau génétique de leur descendance. Ces étapes établissent les meilleurs boucs du cycle de sélection sur lesquels seront prélevés les semences pour les inséminations artificielles à venir et les accouplements programmés.



### 3. Problématique

Compte tenu que la présence de trayon surnuméraires reste un problème en élevage et que des travaux précédents ont montré que l'héritabilité est élevée, la mise en place d'une **indexation pour le caractère « trayon surnuméraire »** est opportune. L'indexation de cette tare permettrait à CAPGENES de prendre en compte cet index lors du choix des jeunes boucs avant leur entrée en centre de production de semence et ainsi faire baisser la fréquence dans la population de façon plus efficace. Toutefois ce caractère représente, en termes statistique, une source de complexité car sa distribution binaire nécessite l'utilisation de logiciels plus complexes et plus difficiles à utiliser en routine. Une autre solution consiste à considérer le caractère binaire comme un caractère linéaire et à utiliser les logiciels classiques d'indexation. Les deux solutions ont été testées dans le cadre de ce stage.

De plus, bien qu'une distinction évidente soit relevée par les pointeurs, les trayons surnuméraires fonctionnels et non fonctionnels ne furent pas traiter comme caractères indépendants dans les travaux précédents, mais furent traiter en tant que caractère unique.

Enfin, la fréquence d'apparition de ce caractère dans la population est vraisemblablement sous-estimée, la grande majorité des individus porteurs étant réformés très jeunes. Il était donc important de vérifier la fiabilité d'une indexation dans une telle situation. La mise en place de l'indexation s'est déroulée en plusieurs étapes.

Tout d'abord, j'ai commencé par une analyse descriptive de l'ensemble des animaux pointés pour les deux races. Cette première analyse globale a permis de faire un état des lieux des trayons surnuméraires : au travers de l'étude des fréquences et de leur évolution au sein de différentes populations mais aussi au travers de leur relation avec les différents postes morphologiques pointés.

L'analyse descriptive s'est suivie d'une recherche des facteurs ayant un impact sur les caractères TRFS, TRS et TRF afin de déterminer les effets non génétiques qui seront inclus dans le modèle statistique d'indexation, à terme. Ces facteurs sont le fruit de l'analyse descriptive du jeu de données et des effets connus, issus de la bibliographie.

Une fois le modèle établi, une estimation des paramètres génétiques a été réalisée afin d'établir l'héritabilité du caractère « trayon surnuméraire » mais aussi les corrélations génétiques avec les autres caractères de morphologie.

J'ai terminé par la réalisation d'une indexation pour chacune des deux races, à l'aide de deux modèles différents : un modèle binaire et un modèle linéaire. Cette étape finale a permis d'effectuer un choix sur le modèle le plus pertinent pour l'indexation qui sera déployée à Capgenes.



## II. Matériels et Méthodes

### 1. Données utilisées

#### A. Table des pointages faits par CAPGENES

L'analyse descriptive faite en début d'étude s'est basée sur deux jeux de données, issus de la base de données nationale. L'un des jeux de données était constitué de l'intégralité des caprins connus en France jusqu'à présent avec leurs parentés (si celle-ci était connue), leur sexe, leur date de naissance, leur code race et leur millésime, il s'élevait à 6 160 592 individus. Le deuxième jeu de données était la table des pointages faits par CAPGENES qui référençait tous les animaux pointés jusqu'au 08/04/19 et leurs notes de pointage, il comptait 618 782 individus. De ces deux jeux de données, j'en ai établi un troisième combinant l'ensemble des informations pour les 618 782 individus pointés. Je n'ai appliqué aucune restriction, le but étant d'avoir un maximum d'individus pointés avec le maximum d'informations associées. C'est à partir de ce jeu de données que l'analyse descriptive fût établie.

#### B. Jeu de données pour la recherche des facteurs de variation et l'estimation des paramètres génétiques

Suite à l'analyse descriptive, une sélection des animaux a été opérée : parmi les 618 782 individus, j'ai sélectionné uniquement les femelles de race Alpine ou Saanen au millésime compris entre 1995 et 2017, avec un stade de lactation inférieur à 21 mois. Les individus pointés par deux pointeurs particuliers furent retirés (car le nombre d'animaux pointés était trop faible), tout comme les individus issus des cheptels n'ayant pas au moins 1 femelle porteuse de TRFS. Cette sélection sur cheptels a été réalisée afin d'éviter un biais, un éleveur trouvé sans chèvre porteuse de trayon surnuméraire pourrait être le résultat d'un tri de sa part avant pointage. Les millésimes extrêmes ont été également écartés par manque d'effectif. L'objectif était d'obtenir un échantillon de données équilibré avec suffisamment d'individus pour chacune des modalités de tous les facteurs testés. Finalement, un jeu de données de 481 557 femelles fût constitué.

Pour l'estimation de la corrélation génétique entre les caractères TRS et TRF, des restrictions supplémentaires sur le jeu de données ont été réalisées. (les raisons seront expliquées lors de la présentation des méthodes utilisées). Seules les femelles issues (i) de père avec au moins 100 filles pointées et présentant au moins 4 filles porteuses de TRF ; et (ii) de cheptel avec au moins 15 filles pointées et plus de 3 femelles porteuses de TRF ont été gardées. Ce nouveau jeu de données présentait 62 532 individus pour les races Alpine et Saanen mélangées.



## C. Données utilisées pour l'indexation

L'indexation fût établie pour chaque race à partir des femelles pointées (sauf si le pointage était effectué par les deux pointeurs précédemment cités) et des génotypes des boucs. Au total, 330 466 chèvres de race Alpine et 212 860 chèvres de race Saanen ont été incluses dans l'indexation. Une indexation par race a été privilégiée car les facteurs de variation étaient un peu différents entre les races. Tout comme pour l'analyse descriptive, le choix de garder un maximum d'individus en limitant les restrictions a été préféré afin d'indexer un maximum d'individus.

Pour effectuer cette indexation, 1015 génotypes de mâles de race Alpine, ainsi que 764 génotypes de mâles de race Saanen ont été pris en compte.

De plus, la généalogie (remontant sur 5 générations) des individus triés a été associée au jeu de données traités si les deux parents étaient connus. En fin de compte, c'est 330877 individus de race Saanen et 499908 individus de race Alpine qui ont été indexés.

## 2. Méthodes utilisées

### A. Analyse descriptive

L'analyse descriptive a été conduite avec le logiciel SAS (Statistical Analysis System) qui permet de manière rapide de traiter un grand nombre de données. Des tests du  $\chi^2$  ont été également effectués avec SAS. Lors de ce test l'hypothèse  $H_0$  sera acceptée avec  $p > 0,05$  ( $\alpha = 5\%$ ).

### B. Recherche des facteurs de variation et estimation des paramètres génétiques

#### i. ANOVA

Une analyse de variance a été effectuée afin de déterminer les facteurs de variation de la présence des trayons surnuméraires. J'ai considéré que les effets du modèle respectaient une distribution normale, une homoscedasticité et étaient indépendants entre eux. La procédure GLM de SAS fût requise. Cette procédure effectue des ANOVA, spécialement pour les données non équilibrées comme peuvent l'être les données liées aux trayons surnuméraires. L'analyse a été conduite pour chaque race et chaque caractère : TRF, TRS, TRFS. Cette procédure a été associée à la procédure VARCOMP de SAS qui a permis d'estimer la part de variance expliquée par chacun des différents effets non génétiques et l'erreur.

Les effets fixes retenus pour le modèle final sont issus de l'indexation des caractères morphologique pour l'espèce caprine (Clément *et al.*, 2014) mais aussi de la bibliographie caprine et bovine (Martin *et al.* (2016) et Brka *et al.* (2007), Brka *et al.* (2002)).



## ii. WOMBAT

L'estimation des paramètres génétiques a été effectuée avec le logiciel WOMBAT sous LINUX. Avant cela, une étape de recodification des animaux et des facteurs, et la constitution d'un fichier des pedigrees des animaux pointés a été faite avec le logiciel RECODE.

L'héritabilité a été estimée pour les 2 races et les 3 caractères : TRS, TRF, TRFS. Les corrélations génétiques entre les 10 postes de morphologie et TRFS a également été faite pour chacune des races.

WOMBAT estime les paramètres génétiques avec un modèle linéaire (hypothèse que la performance a une distribution normale). Une transformation de l'héritabilité dans l'échelle sous-jacente en valeur dans l'échelle observée est possible, en appliquant la formule définie par Dempster *et al.* (1949) :

$$h_{pa}^2 = \frac{\bar{z}^2 h_x^2}{\bar{p}\bar{q}}$$

$h_{pa}$  : hérabilité binaire estimée

$h_x$  : hérabilité linéaire calculée

$\bar{z}$  : variance génétique additive

$\bar{p}\bar{q}$  : variance génétique totale

Cette formule a été appliquée aux paramètres génétiques des trayons surnuméraires fonctionnels, non fonctionnels et des deux types rassemblés pour les races Saanen et Alpine.

L'estimation des corrélations génétiques entre TRF et TRS a été réalisée afin d'évaluer si ce sont des caractères génétiquement proches ou s'ils doivent être considérés comme deux caractères distincts. Des problèmes de convergence ont été rencontrés dans un premier temps. Leur origine était des fréquences de TRF et TRS trop faibles parmi les populations étudiées. Suite à ces problèmes, une sélection des animaux permettant d'augmenter les fréquences en porteurs TRS et TRF a été réalisée. Au final, cette corrélation a pu être estimée uniquement en race Saanen.

## iii. THRGIBBS1F90

THRGIBBS1F90 est un logiciel de la famille de programmes BLUPF90 développée par Misztal *et al.* (2002), détaillé dans une partie suivante. Associé au programme POSTGIBBSF90, il permet de calculer par un modèle binaire les paramètres génétiques pour un caractère, une population et une race donnée. Dans un deuxième temps, avec cette même application de GIBBS la corrélation entre TRS et TRF pourra être effectuée par un modèle binaire pour chaque race.

## C. Indexation

### i. Modèle Linéaire

L'indexation en modèle linéaire a été faite à l'aide du logiciel BLUPF90 qui est un programme développé par Misztal *et al.* (2002) et qui est utilisé en routine dans les



évaluations génomiques officielles en caprins. Les scripts de l'évaluation génomique des caractères de morphologie ont été adaptés au caractère trayon surnuméraire. Lors de cette étape, les trois caractères ; TRFS, TRS et TRF, seront indexés pour chaque race.

Le seuil de convergence a été établi à  $1,0E-16$ . Ce programme est le plus souvent associé à un programme de calcul des CD (coefficient de détermination) : `accf90`, qui fonctionne également sur le critère de convergence. Pour ce programme, le seuil de convergence a été fixé à  $1,0E-6$ .

#### i. Modèle Binaire

Le programme `THRGIBBS1F90` permet d'analyser des données catégorielles et en particulier des données binaires. Il utilise une méthode d'inférence bayésienne, « Gibbs sampling », pour résoudre le problème. Avec ce programme, un caractère binaire doit toujours être analysé en même temps qu'un caractère linéaire. J'ai fait le choix du tour de poitrine (mesuré en cm) présent dans la grille de pointage.

Trois paramètres sont renseignés en entrée. Le nombre d'échantillons demandés est de 70000 (ou varie de 50000 à 90000 selon le caractère). Le burn-in (période d'apprentissage du modèle) est de varie lui aussi selon le caractère entre 30000 et 50000. On demande de stocker les résultats tous les 50 échantillons. On doit également fixer une variance génétique de départ, valeur initiale utilisée par le programme.

Afin de vérifier la convergence et valider nos paramètres d'entrée, j'ai d'abord utilisé le programme `POSTGIBBSF90`, qui calcule différents critères. Exemples de critères : une taille effective de l'échantillon  $> 10$ , un diagnostic de Geweke  $< 1$  (ratio entre la première moitié et la deuxième moitié des échantillons) et une distribution normale des index. Tous les paramètres d'entrée et de sortie de `POSTGIBBSF90` figurent sur l'annexe 1.

Dans un deuxième temps, une autre approche a été faite afin de renforcer l'étude de la convergence. Le programme `THRGIBBS1F90` a été lancé 3 fois sur un même jeu de données, avec les 3 mêmes paramètres d'entrée mais des valeurs de variance génétique initiale légèrement différentes (ex : 0,02 à 0,05). Puis les sorties ont été analysées à l'aide du package « coda » de R qui calcule la corrélation entre la variance génétique des échantillons des trois essais. Nous avons considéré les résultats comme valides si la corrélation était supérieure à 0,90 (fonction : `crosscorr`). Les corrélations obtenues sont représentées en annexe 2.

Une fois ces étapes réalisées, j'ai donc à disposition la version finale de la variance génétique et la variance résiduelle du caractère ainsi que des index.



### III. Résultats

#### 1. Etat des lieux du caractère TRFS en France

Nous pouvons observer sur la figure 6, les fréquences des trayons surnuméraires fonctionnels, non fonctionnels et des deux considérés ensemble, et leurs évolutions au fil des millésimes de naissance des animaux, quelle que soit leur race et quel que soit leur sexe. Nous pouvons observer une tendance à la baisse de la fréquence globale des TRFS depuis 2006 passant de 4,0% à 2,6% en 2017. Cette tendance est principalement liée aux trayons surnuméraires non fonctionnels qui présentent une baisse de fréquence depuis 2006. Les trayons surnuméraires fonctionnels ont, quant à eux, une tendance stable aux alentours de 0,7%.

Afin de détailler l'évolution globale des trayons surnuméraire fonctionnels et non fonctionnels rassemblés, nous pouvons poursuivre au figure 7 présentant les taux précédemment commentés propre aux femelles et mâles Saanen. Nous observons une tendance stable chez les mâles de la fréquence de TRFS, contrairement aux femelles, qui, à partir de 2011 voient leur fréquence TRFS chuter. Nous comptons alors une moyenne pour les millésimes présentés de 1,8% pour les mâles et 3,5% pour les femelles Saanen. Il s'avérait, grâce à une étude de l'échantillon plus précise, que la fréquence moyenne des trayons surnuméraires non fonctionnels des femelles s'élevait à 2,7% contre 0,8% pour les trayons fonctionnels.

Comme observable sur la figure 8, parmi la population Alpine, nous constatons une tendance globale de l'évolution de la fréquence des TRFS chez les mâles en baisse depuis 2000. Cette tendance est semblable à l'échantillon de femelles Alpine qui voit sa fréquence décroître depuis 2007 passant de 4% à 2,6%. En moyenne sur l'ensemble des millésimes présentés, les mâles de race Alpine présentant un TRFS représentent 1,9% et les femelles 3,4%, parmi ces femelles 2,7% sont porteuses d'un TRS et 0,9% d'un TRF.

Suite au test de khi<sup>2</sup> effectué lors de cette étape, une différence significative a pu être prouvée entre mâles et femelles ( $p < 0,001$ ) pour les 2 races. La fréquence entre les races Alpine et Saanen, tant pour les mâles que pour les femelles, ne semble pas différente ( $p = 0,897$ ). Sur quel caractère ?

Un bilan par père a permis de constater que parmi les 26 429 pères ayant au moins une fille dans la table de pointage, 5 105 d'entre eux ont engendré au moins un individu porteur de TRFS, soit 19%. De ces 5 105 pères, 62% n'ont engendré que de la descendance porteuse de TRS (3 160 pères), tandis que 17% uniquement de la descendance porteuse de TRF (848 pères). Les pères avec des descendants porteurs de TRS et des descendants porteurs de TRF ne représentèrent que 21%, soit 1 097 pères.

Tableau 4 : Présentation des p-values et des significativités des effets du modèle selon la race.  
 NS : non significatif, \* : > 0,05, \*\* < 0,01, \*\*\* < 0,001 et \*\*\*\*<0,0001

Race	Effet du modèle	P-value	Significativité
Saanen	Cheptel*campagne de pointage*numéro de lactation	< 0,0001	****
	Classe du stade de lactation*campagne de pointage	0,0473	*
	Classe du stade de lactation	0,0001	***
	Âge de la mère	0,0126	*
	Pointeur	0,4227	NS
Alpine	Cheptel*campagne de pointage*numéro de lactation	< 0,0001	****
	Classe du stade de lactation*campagne de pointage	0,3741	NS
	Classe du stade de lactation	0,0414	*
	Âge de la mère	0,0289	*
	Pointeur	0,0189	*

Une même approche a été réalisée par cheptel ayant au moins une fille dans la table de pointage. Les résultats présentent que 78 % d'entre eux ont eu au moins 1 fille porteuse de TRFS. Cependant, contrairement aux pères la majorité de ces cheptels (68%) ont eu des individus porteurs de TRS et TRF et seulement 32% n'ont eu que des individus porteurs soit de TRS, pour 28% des cheptels, soit de TRF pour 4%.

## 2. ANOVA

### A. Les facteurs de variation de la présence de trayons surnuméraires

Différents facteurs ont été testés : classe d'âge au pointage, classe du stade de lactation, âge de la mère à la naissance, pointeur, cheptel, pour chacune des races et pour le caractère TRFS. La valeur du  $R^2$  du modèle ainsi que la significativité propre à chaque effet ont permis de choisir le modèle final. Le modèle retenu fût composé des effets fixes suivants :

- Cheptel\*campagne de pointage\*numéro de lactation
- Classe du stade de lactation\*campagne de pointage
- Classe du stade de lactation
- Âge de la mère à la naissance
- Pointeur

Le modèle final affecté à la race Saanen présenté sur le tableau 4 montre que seule la variable « pointeur » n'est pas significative avec  $p > 0,05$ , toutefois pour les autres composantes : l'interaction comprenant le cheptel et la variable « âge de la mère »

sont très significatives ( $p \leq 0,001$ ) tandis que « Classe du stade de lactation\*campagne de pointage » et « classe du stade de lactation » sont simplement significatives.

Pour la race Alpine, tous les effets sortent significatifs sauf pour l'interaction « classe du stade de lactation\*campagne de pointage » qui présente une p-value de 0,37. Tout comme pour la race Saanen l'interaction comprenant les cheptels se montre très significative.

### B. Impact des facteurs de variation sur la fréquence des trayons surnuméraires

Ici, l'étude s'est portée sur les effets du modèle significatifs commun aux deux races à savoir la classe du stade de lactation et l'âge de la mère à la naissance. L'interaction cheptel\*campagne\*numéro de lactation ne fût pas étudiée au vu du trop grand nombre de niveaux dont cet effet était composé.

Le pointeur bien que significatif uniquement chez la race Alpine présenta un impact fort sur l'apparition des TRFS. Les résultats de significativité des différents pointeurs sont représentés sur l'annexe 3. L'interaction n'est pas représentée au vu de l'étude de la classe du stade de lactation un peu plus loin.

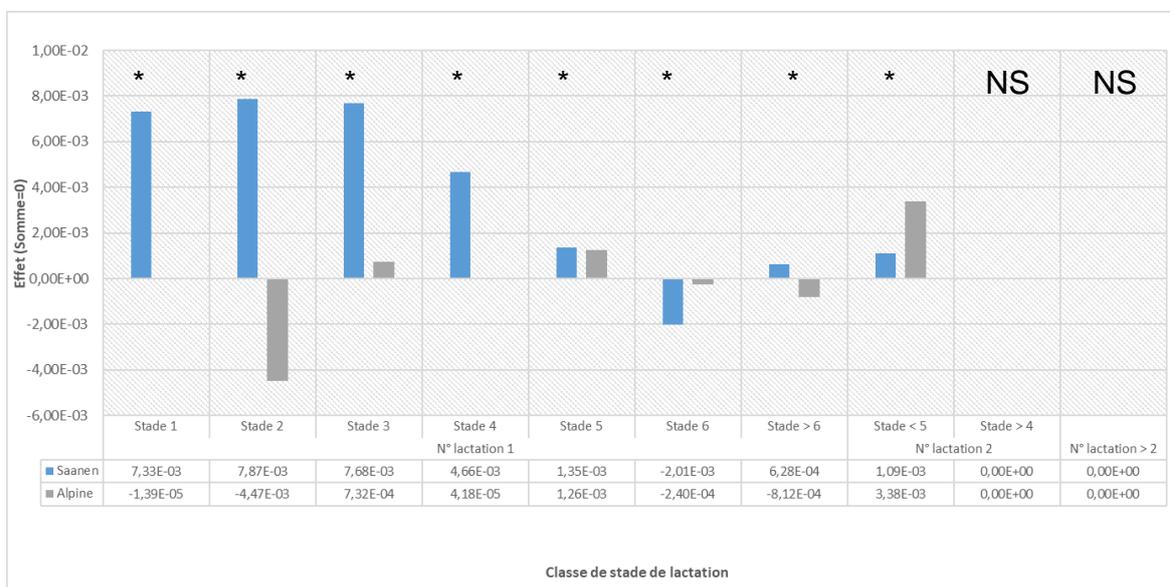


Figure 9 : Représentation des effets des différents stades sur l'apparition des trayons surnuméraires fonctionnels et non fonctionnels rassemblés, selon la race. \* : significatif au seuil de 5% / NS : non significatif au seuil de 5%.

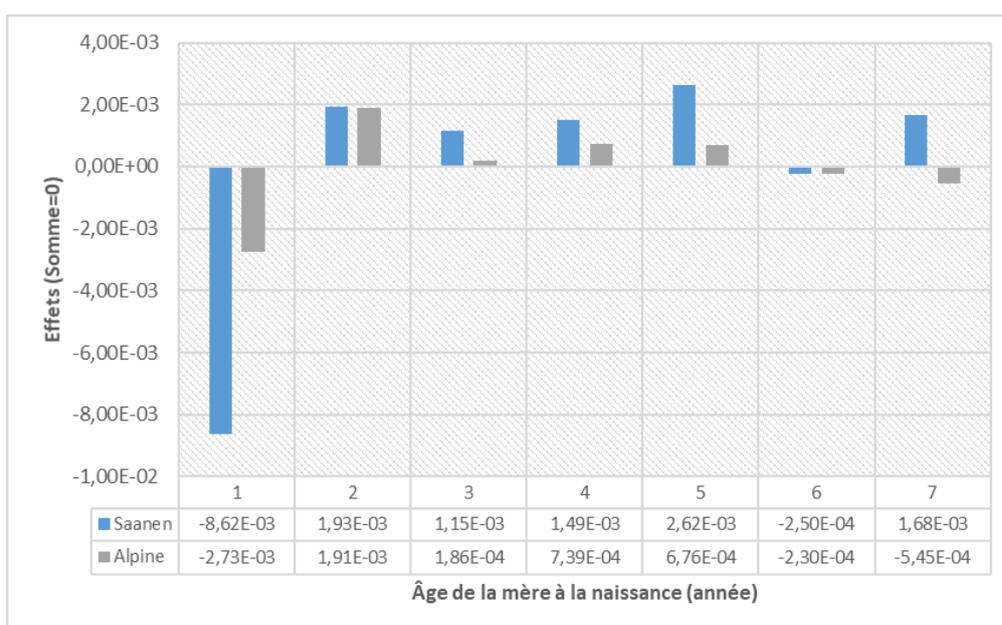


Figure 10 : Distribution des effets de l'âge de la mère à la naissance sur l'apparition des trayons surnuméraires fonctionnels et non fonctionnels rassemblés, selon la race Alpine ou Saanen.

Tableau 5 : Présentation des paramètres génétique des caractères TRFS, TRS et TRF pour les races Saanen et Alpine ainsi que de la corrélation entre les caractères TRS et TRF pour les deux races confondues estimés par un modèle linéaire.

VP : variance phénotypique, VA : variance génétique additive, VR : variance génétique résiduelle, H<sup>2</sup> : héritabilité.

Race	Caractère	VP	VA	VR	H <sup>2</sup>	Ecart-Type d'erreur
Saanen	TRFS	0,035	0,003	0,032	0,083	0,005
	TRS	0,031	0,002	0,029	0,072	0,015
	TRF	0,021	0,001	0,020	0,051	0,011
Alpine	TRFS	0,034	0,003	0,031	0,078	0,004
	TRS	0,026	0,001	0,025	0,048	0,009
	TRF	0,018	0,001	0,017	0,056	0,012
<b>Corrélation TRS*TRF</b>		-0,026 (±0,008)	0,285 (±0,143)	-0,048 (±0,011)		

La distribution de l'impact des effets fixes sur la variabilité phénotypique d'origine non génétique (procédure VARCOMP) est présentée en annexe 4 et 5, cependant les résultats sont à étudier avec beaucoup de précautions au vu d'une part d'erreur de 99%.

#### i. Classe du stade de lactation

La classe du stade de lactation est la combinaison de deux variables, le numéro de lactation et le stade de lactation, qui sont présentés sur la figure 9. Le numéro de lactation correspond à la lactation à laquelle l'individu a été pointé tandis que le stade correspond au mois de lactation de son pointage. En sortie, WOMBAT estime l'effet de chaque niveau de la classe « stade » sur le caractère étudié, la somme de tous les effets d'une classe étant égale à 0.

Dans un premier temps, nous observons que pointer en lactation 3 ou plus ne représente aucun effet dans l'apparition des trayons surnuméraires fonctionnels et non fonctionnels rassemblés, tout comme pour les derniers mois de la lactation 2 (stades > 4) pour les deux races.

Dans un second temps, nous constatons pour la race Saanen, pour les premiers mois de la lactation 1 (stades 1 à 4), des effets plus importants compris entre  $4,66E-03$  et  $7,87E-03$ , comparativement à la fin de lactation. Toutefois, ces effets sont modérés.

En race Alpine, l'effet de la classe « stade de lactation » est un peu moins marquée qu'en race Saanen, même si les effets sont significatifs pour les différents stades en lactation 1.

#### ii. Âge de la mère à la naissance

Lors de l'étude de l'effet de l'âge de la mère à la naissance sur l'apparition des trayons surnuméraires (figure 10), tous les niveaux se présentèrent avec un effet significatif. De plus, les effets des deux races présentèrent les mêmes tendances. C'est lorsque la mère a un an à la naissance de sa fille que l'impact sur la présence de trayon surnuméraire est le plus fort. Il reste cependant limité, avec une baisse de la fréquence de :  $-8,62E-03$  pour la population Saanen et  $-2,73E-03$  pour la population Alpine.

### 3. Estimation des paramètres génétiques

#### A. Héritabilités issues du modèle linéaire

Maintenant que le modèle est défini, j'ai estimé l'héritabilité des caractères TRFS, TRS et TRF ainsi que leurs variabilités phénotypique, génétique et résiduelle pour chacune des races. Les résultats sont observables sur le tableau 5.

Nous obtenons, pour le caractère TRFS, une héritabilité de 0,083 avec un écart-type d'erreur de 0,005 pour la race Saanen et une héritabilité de 0,078 avec un écart-type d'erreur de 0,004 pour la race Alpine.

Tableau 6 : Présentation de l'héritabilité des caractères TRFS, TRS et TRF pour les races Saanen et Alpine et de la corrélation entre TRS et TRF estimés par un modèle binaire. VP : variance phénotypique, VA : variance génétique additive, VR : variance résiduelle, H<sup>2</sup> : héritabilité

Race	Caractère	VP	VA	VR	H <sup>2</sup>
Saanen	TRFS	1,674	0,671	1,003	0,401
	TRS	/	/	/	/
	TRF	/	/	/	/
Alpine	TRFS	1,565	0,565	1,000	0,361
	TRS	1,028	0,028	1,000	0,027
	TRF	1,171	0,171	1,000	0,146
<b>Corrélation TRS*TRF</b>			0,205		

Tableau 7 : Corrélations génétique et phénotypique des postes morphologiques avec le caractère TRFS chez la race Saanen. Corr : corrélation / AVP : avant pis / PRM : profil mamelle / PLA : hauteur plancher / FAP : Forme arrière pis / AAR : Largeur attache arrière

Interaction	Corr phénotypique	Corr génétique
TRFS*AVP	Corr : -0,031 E-T : 0,003	Corr : -0,085 E-T : 0,031
TRFS*PRM	Corr : -0,005 E-T : 0,003	Corr : -0,031 E-T : 0,030
TRFS*PLA	Corr : -0,014 E-T : 0,003	Corr : -0,093 E-T : 0,030
TRFS*FAP	Corr : -0,008 E-T : 0,003	Corr : -0,032 E-T : 0,032
TRFS*AAR	Corr : -0,026 E-T : 0,003	Corr : -0,116 E-T : 0,029
TRFS*LOT	Corr : -0,011 E-T : 0,003	Corr : -0,053 E-T : 0,028
TRFS*FOT	Corr : -0,012 E-T : 0,003	Corr : -0,028 E-T : 0,030
TRFS*INT	Corr : -0,015 E-T : 0,003	Corr : -0,076 E-T : 0,036
TRFS*ORT	Corr : -0,010 E-T : 0,003	Corr : -0,041 E-T : 0,030

Tableau 8 : Corrélations génétique et phénotypique des postes morphologiques avec le caractère TRFS chez la race Alpine. Corr : corrélation / AVP : avant pis / PRM : profil mamelle / PLA : hauteur plancher / FAP : Forme arrière pis / AAR : Largeur attache arrière / LOT : Longueur des trayons

Interaction	Corr phénotypique	Corr génétique
TRFS*AVP	Corr : -0,032 E-T : 0,002	Corr : -0,138 E-T : 0,025
TRFS*PRM	Corr : -0,004 E-T : 0,003	Corr : -0,040 E-T : 0,024
TRFS*PLA	Corr : -0,014 E-T : 0,002	Corr : -0,062 E-T : 0,026
TRFS*FAP	Corr : -0,014 E-T : 0,002	Corr : -0,092 E-T : 0,026
TRFS*AAR	Corr : -0,021 E-T : 0,003	Corr : -0,075 E-T : 0,024
TRFS*LOT	Corr : -0,009 E-T : 0,003	Corr : -0,041 E-T : 0,022
TRFS*FOT	Corr : -0,014 E-T : 0,003	Corr : -0,015 E-T : 0,024
TRFS*INT	Corr : -0,022 E-T : 0,002	Corr : -0,038 E-T : 0,030
TRFS*ORT	Corr : -0,005 E-T : 0,003	Corr : -0,012 E-T : 0,024

Les autres caractères présentent des héritabilités plus faibles, chez la race Saanen, le caractère TRS a une héritabilité de 0,072 et une héritabilité de 0,048 chez la race Alpine, tandis que le caractère TRS présente une héritabilité de 0,051 chez la race Saanen et 0,056 chez la race Alpine.

### B. Héritabilités issues du modèle binaire

A l'aide de la formule de transformation de l'héritabilité du caractère TRFS dans l'échelle sous-jacente (binaire) en valeur dans l'échelle observée (linéaire), on obtient des héritabilités de 0,47 pour la race Saanen et de 0,44 pour la race Alpine pour le caractère regroupant les trayons surnuméraires fonctionnels et non fonctionnels mélangés. Pour le caractère TRS, l'héritabilité convertie représente 0,497 pour la race Saanen et 0,331 pour la race Alpine. Tandis que pour le caractère TRF, l'héritabilité convertie s'élève à 0,745 pour la population Saanen et 0,875 pour la population Alpine.

Les héritabilités issues du modèle binaire pour le caractère TRFS s'approchent légèrement, à 0,04 près, des valeurs converties de l'étude de Martin et al. (2016) avec pour la race Saanen une héritabilité de 0,041 et pour la race Alpine une héritabilité de 0,36. Cependant l'héritabilité de TRS en race Alpine n'atteint que 0,027 et TRF n'atteint que 0,146. Les résultats issus de la race Saanen n'ont pu être établies suite à des problèmes récurrents de capacité de convergence du programme chargé de l'indexation binaire pour les caractères TRS et TRF.

### C. Corrélation génétique entre TRS et TRF

Après avoir observé le tableau 6, trois corrélations ont pu être obtenues grâce au modèle linéaire : la corrélation phénotypique, estimée à -0,026 ( $\pm 0,008$ ), la corrélation génétique, estimée à 0,285 ( $\pm 0,143$ ) et la corrélation résiduelle, estimée à -0,048 ( $\pm 0,011$ ).

La corrélation établie par le modèle binaire (postgibbsf90), entre la variabilité génétique des deux caractères TRS et TRF, s'élève à 0,205 ( $\pm 0,034$ ), elle est présentée en bas du tableau 6.

### D. Corrélations génétique et phénotypiques entre le caractère TRFS et les postes morphologiques

Les corrélations entre les trayons surnuméraires, fonctionnels et non fonctionnels rassemblés, et les postes morphologiques sont présentés par race sur les tableaux 7 et 8. Dans un premier temps nous constatons que toutes les corrélations génétiques comme phénotypiques obtenues sont négatives.

Dans un deuxième temps, nous constatons que tous les postes morphologiques ont une corrélation phénotypique quasi nulle variant de -0,005 à -0,031 chez la race Saanen et de -0,004 à -0,032 chez la race Alpine.

Tableau 9 : Corrélation entre les index des caractères TRFS, TRS et TRF issus des modèles linéaire et binaire pour la race Alpine (sous la diagonale) et la race Saanen (au-dessus de la diagonale). En rouge sont représentés les résultats non significatifs.

		Linéaire			Binaire		
		TRFS	TRS	TRF	TRFS	TRS	TRF
Linéaire	TRFS		0,871	0,592	0,981		
	TRS	0,927		0,169	0,871		
	TRF	0,453	0,085		0,592		
Binaire	TRFS	0,968	0,887	0,460			
	TRS	0,005	0,031	-0,062	0,017		
	TRF	0,044	0,078	-0,070	0,048	0,263	

**Alpine**

**Saanen**

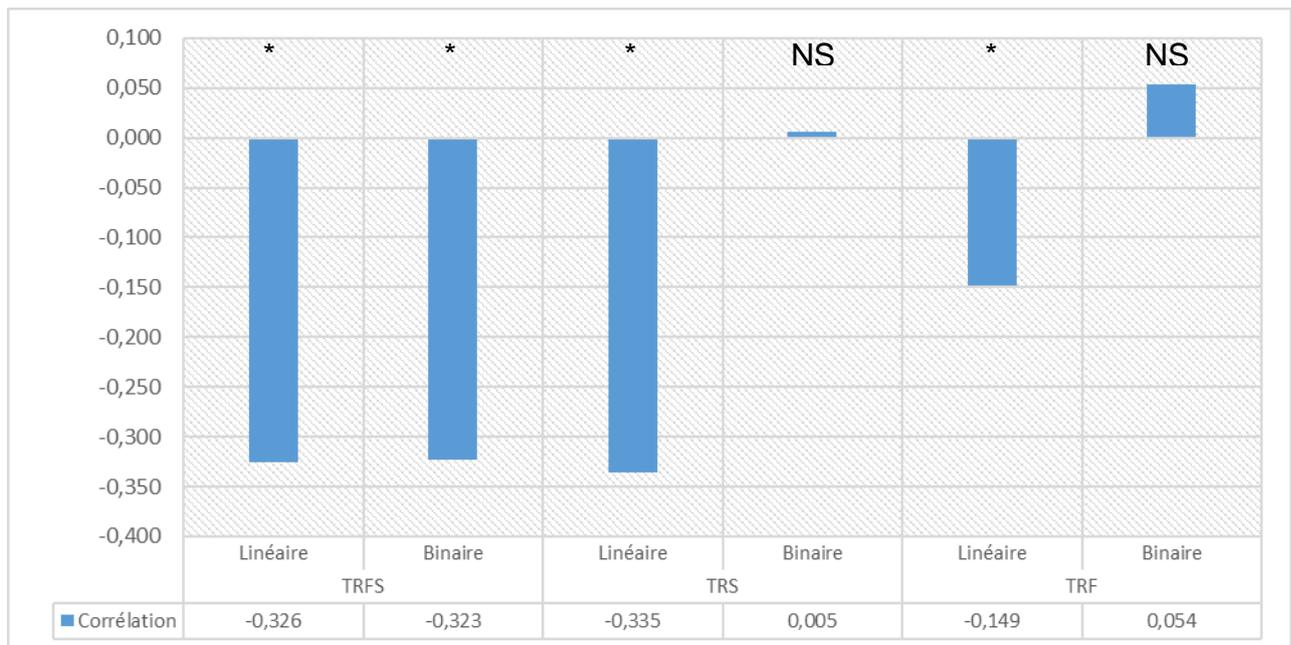


Figure 11 : Corrélation des index des pères d'IA et de la fréquence de descendants porteurs de TRFS, TRS ou de TRF selon le caractère étudié et le modèle utilisé pour la race Alpine. NS : non significatif, \* : significatif au seuil de 5 %.

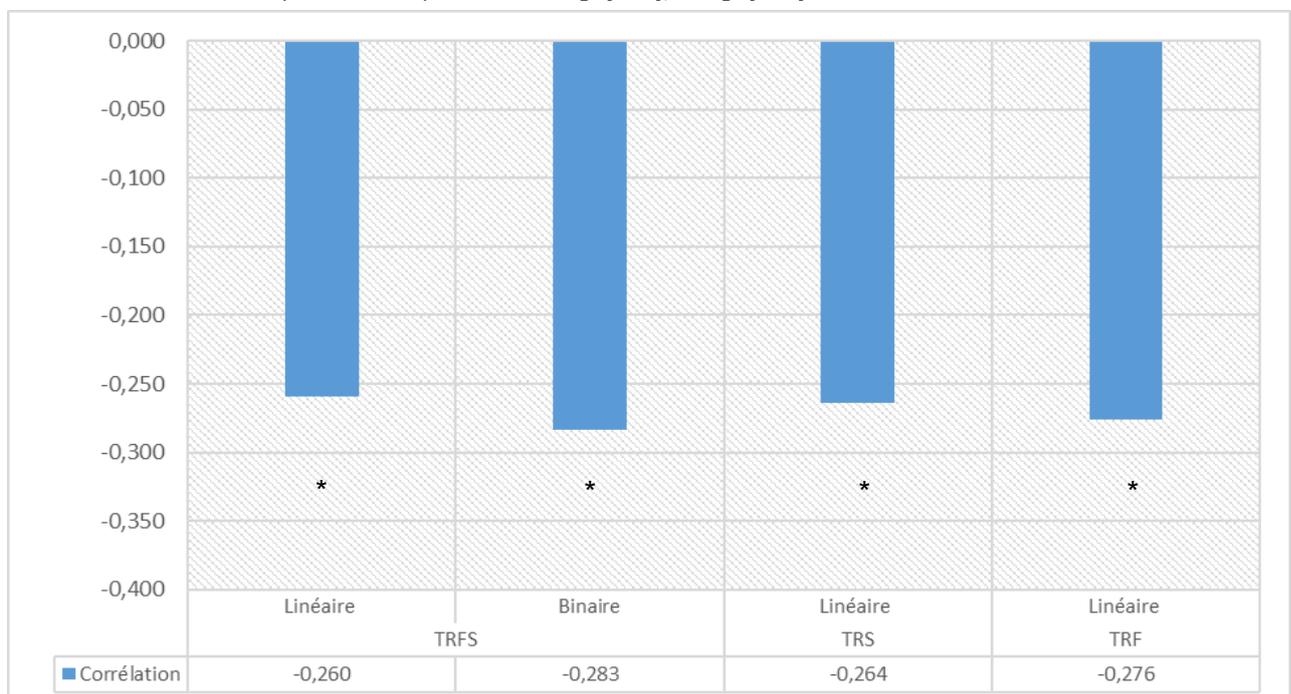


Figure 12: Corrélation des index des pères d'IA et de la fréquence de descendants porteurs de TRFS, TRS ou de TRF selon le caractère étudié et le modèle utilisé pour la race Saanen. NS : non significatif, \* : significatif au seuil de 5 %.

En ce qui concerne les corrélations génétiques, les valeurs les plus élevées sont obtenues pour : la largeur de l'attache arrière (-0,116) et la hauteur au plancher (-0,093) pour la race Saanen ; l'avant pis (-0,138) et la forme de l'arrière pis (-0,092) pour la race Alpine.

#### 4. Indexation

Afin de déterminer le modèle le plus pertinent à utiliser pour réaliser l'indexation, nous avons étudié les index des pères d'insémination artificielle. Ils ont été comparés entre les différents tests réalisés et mis en relation avec la fréquence des trayons surnuméraires des filles de ces mâles. De plus, une indexation propre à chaque race a été choisie compte tenu des résultats obtenus précédemment.

L'indexation à l'aide d'un modèle linéaire a été réalisée dans les deux races. L'indexation à l'aide d'un modèle binaire a pu être réalisée en race Alpine, mais pas en race Saanen pour les caractères TRS et TRF en raison d'une population porteuse de trayon surnuméraire trop faible rendant impossible le bon fonctionnement et la convergence du programme.

##### A. Comparaison des index entre les modèles linéaire et binaire

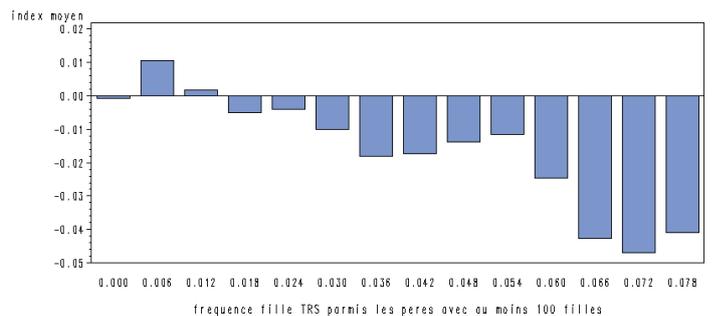
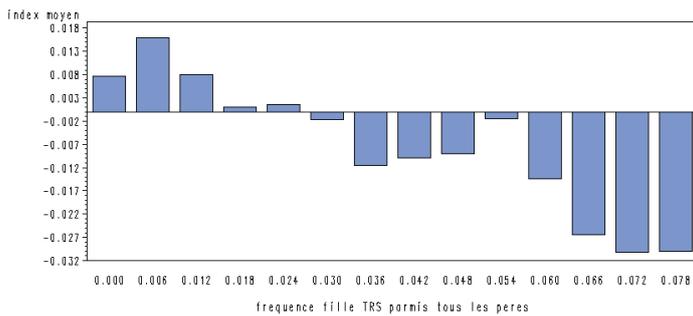
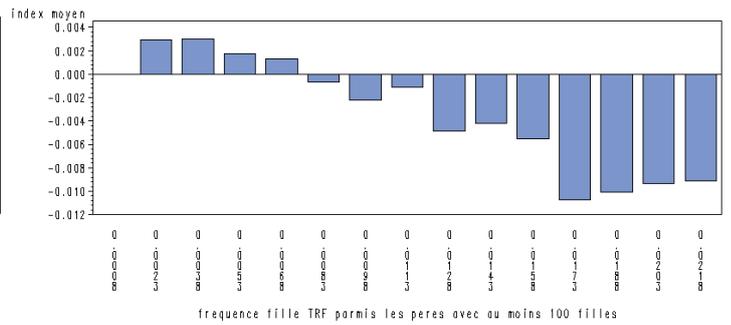
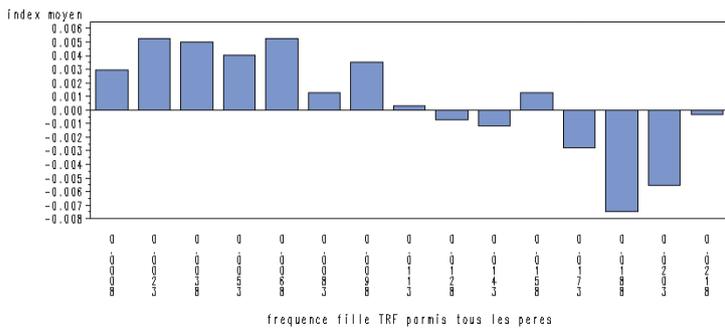
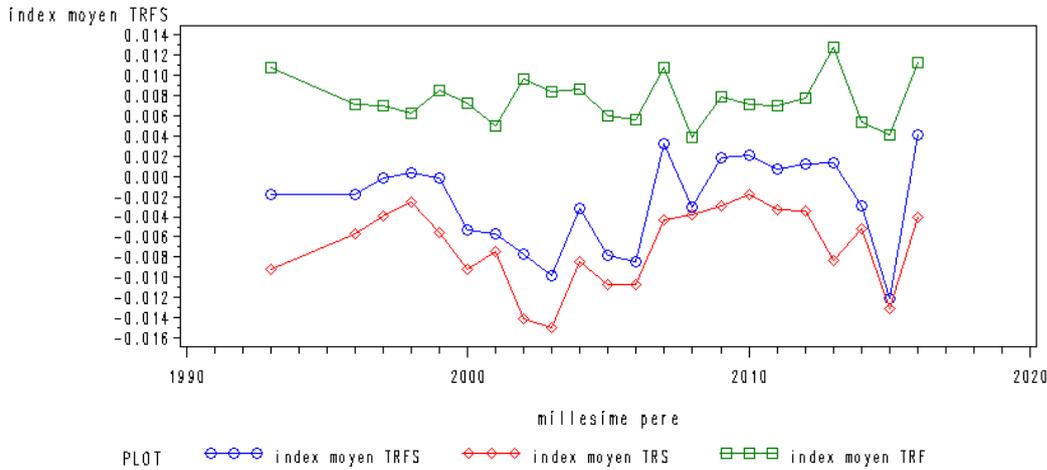
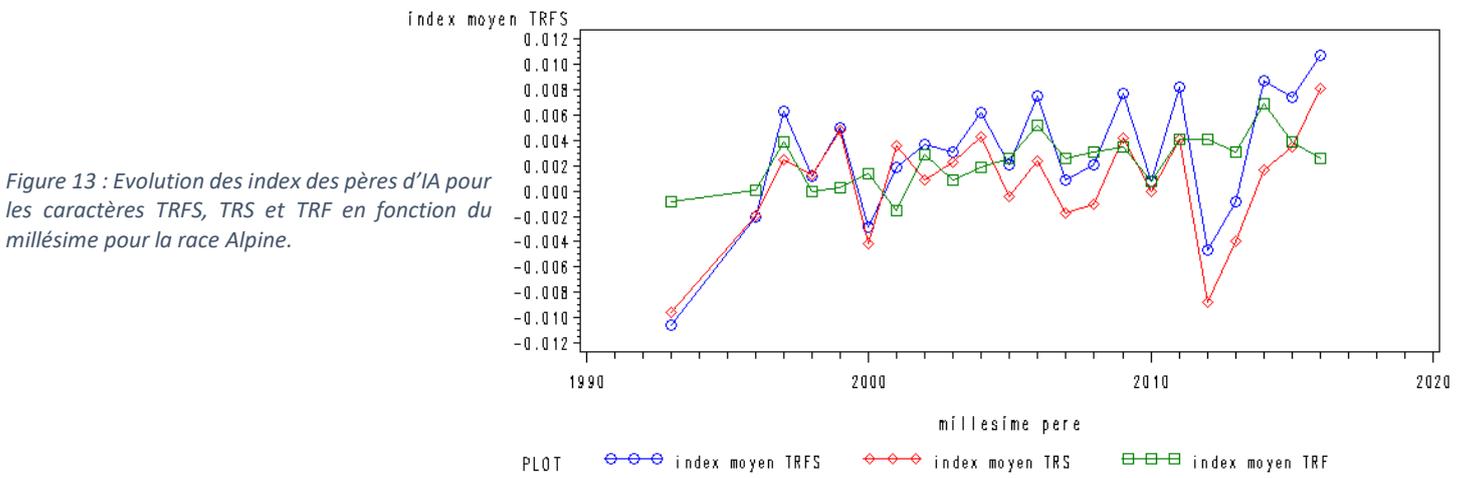
Pour la race Alpine, les corrélations entre les index issus des modèles linéaire et binaire des caractères TRFS, TRS et TRF sont présentés sur le tableau 9. Dans un premier temps, nous notons des corrélations faibles entre les index des pères issus du modèle binaire avec pour maximum la corrélation TRS\*TRF : 0,263. Les corrélations entre les index des caractères du modèle linéaire sont nettement plus élevées avec un maximum de 0,927 (TRFS\*TRS) et un minimum de 0,085 (TRS\*TRF).

Dans un deuxième temps, nous observons que les corrélations des index entre les modèles binaires et linéaires pour le même caractère sont très variables, avec des corrélations de 0,968 pour le caractère TRFS, 0,031 pour le caractère TRS et -0,070 pour le caractère TRF.

La race Saanen présente les mêmes tendances que la race Alpine, avec une forte corrélation entre les caractères issus du modèle linéaire et une forte corrélation entre les modèles linéaires et binaire pour le caractère TRFS.

##### B. Corrélation des index avec la performance

La corrélation des index des pères d'insémination artificielle de race Alpine et Saanen avec la fréquence de descendants femelles porteurs du caractère étudié (TRFS, TRS, TRF) sont présentés figures 11 et 12. Les corrélations des performances avec les index des pères issus des deux modèles pour la race Saanen sont semblables à la race Alpine.



Nous pouvons noter que la corrélation entre index TRFS des pères et la fréquence des trayons surnuméraires parmi leurs filles varient entre -0,326 et -0,260 pour les deux races en modèle binaire ou linéaire. Il en va de même pour les caractères TRS et TRF issus du modèle linéaire, toutefois, les index issus du modèle binaire de ces deux caractères présentent une corrélation non significativement différente de zéro avec la fréquence des filles porteuses de trayons surnuméraires (0,054 et 0,005).

### C. Etude des index issus du modèle linéaire

#### iii. Evolution des index linéaires au cours du temps

L'évolution des index moyens établis par le modèle linéaire pour les caractères TRFS, TRS et TRF présente, tant pour la race Alpine (figure 13) que pour la race Saanen (figure 14), des index peu variables compris entre 0,1 et -0,1 pour la race Alpine et 0,15 et -0,15 pour la race Saanen.

Toutefois, pour la race Alpine, une légère tendance à l'amélioration des index moyens pour le caractère TRF est notable, passant de 0 à 0,002 du millésime 1993 à 2016. Les index du caractère TRS sont eux aussi en augmentation depuis ces quatre dernières années progressant de -0,01 à 0,006.

En revanche, pour la race Saanen, les index TRF restent stables autour de 0,008 en moyenne, tout comme les index TRS qui stagnent autour de -0,008.

#### iv. Etude des 3 populations de pères indexés

Au sein de cette partie, seule la race Alpine sera traitée en raison des résultats très proches obtenus avec la race Saanen, pour laquelle les résultats obtenus sont consultables sur les annexes 7 à 10.

Lorsqu'on limite le nombre de filles par père (avec un minimum à 100), on constate (figures 15 et 16) que la relation entre index des pères et fréquence de trayons surnuméraires chez les filles présente la même tendance que lorsque l'on prend la totalité de la population. Les 2 figures décrivent une tendance décroissante, évoluant de 0,005 / 0,003 pour les fréquences de descendants porteurs les plus faibles à -0,007 / - 0,011 pour les fréquences de descendants porteurs les plus élevées. Cependant les index TRF de la population avec l'ensemble des pères (figure 14) présente des ruptures dans l'évolution des index.

Les figures 17 et 18 présentent l'évolution des index des pères d'IA en fonction de l'évolution de la fréquence du caractère TRS pour la race Alpine. Pour ce caractère la tendance des index de la population globale de pères d'IA semble nettement moins perturbée que pour le caractère TRF, évoluant de 0,01 pour les fréquences les plus basses à -0,047 pour les fréquences les plus importantes. La population restreinte présente pour les plus faibles fréquences un index moyen de 0,006 à -0,065 pour les plus importantes.



Pour finir notre étude des populations de pères indexés, en annexe 11 sont présentées les corrélations entre les index de populations de père d'IA ayant minimum 50 et 100 filles et la fréquence de descendant porteur TRF et TRS. En général, les corrélations entre index des pères et fréquence de trayons surnuméraires parmi les filles sont plus élevées lorsque la population est limitée à 100 descendants que lorsqu'elle est limitée à 50 descendants.

## IV. Discussion

### 1. Analyse descriptive

Nos résultats montrent un pourcentage moyen de trayons surnuméraires fonctionnels et non fonctionnels rassemblés chez la race Saanen de 3,5% et chez la race Alpine de 3,4% avec lors des 10 dernières campagnes une fréquence en chute. Ces résultats sont cohérents aux vus des résultats de Martin et al. (2016) qui présentaient à partir de 2006 un début de baisse de fréquence des trayons surnuméraires pour les races Saanen et Alpine.

Cette tendance à la baisse de la fréquence des trayons surnuméraires s'explique par une population pointée croissante chaque année et une baisse du nombre de porteurs de trayons surnuméraires non fonctionnels. Cette baisse de fréquence a pour origine aussi l'application de mesures de tri appliquées par le schéma de sélection, comme la disqualification des reproducteurs porteurs de la tare, la disqualification de la parenté lors de la rencontre de tares au sein de la descendance et la disqualification des individus issus de portées avec des tares. Toutefois une légère différence entre les résultats obtenus et les résultats de l'étude de Martin *et al.* (2016) est notable pour les fréquences calculées et proviendrait de la population étudiée qui est, pour notre étude, nettement plus importante.

La comparaison des fréquences de trayons surnuméraires (fonctionnels et non fonctionnels mélangés) selon le sexe inter et intra race démontre en premier lieu que la race Alpine et la race Saanen ont une fréquence très similaire de trayons surnuméraires. A l'inverse, il existe une différence significative entre mâles et femelles quelle que soit la race. Cette différence de fréquence entre mâles et femelles s'expliquerait par un tri nettement plus important et précoce des mâles par les éleveurs empêchant leur référencement par les pointeurs et faussant ainsi les résultats disponibles dans notre base de données pour les mâles. Ce résultat nous a contraint de ne sélectionner que les femelles dans la recherche d'effets du modèle, dans l'élaboration des paramètres génétiques et dans l'indexation.

Le résultat de l'étude des pères a démontré que parmi les 5105 pères ayant au moins une fille porteuse de trayon surnuméraire (fonctionnel ou non fonctionnel), seuls 21% d'entre eux ont des filles porteuses de trayon fonctionnel et des filles porteuses de



trayons non fonctionnels ce qui laisse penser que ces deux caractères sont relativement indépendants.

## 2. Recherche et étude de facteurs de variation des trayons surnuméraires (TRFS)

Lors de l'élaboration du modèle statistique final des différences de significativité des effets ont pu être observées entre les races. Cela a été le cas des effets « classe du stade de lactation\*campagne » qui s'est montré significatif uniquement pour la race Saanen et « pointeur » qui s'est montré significatifs que pour la race Alpine, tandis que « classe du stade de lactation » a présenté un écart de significativité entre les deux races. Ce constat a permis de prendre la décision de l'indexation séparée des deux races bien que celles-ci aient présentées des fréquences de trayons surnuméraires proches. Ce choix se voit d'autant plus logique que l'indexation des caractères de morphologie réalisée en routine est conduite intra-race comme le présente l'étude de Clément *et al.* (2014).

L'étude de l'effet fixe « classe de stade de lactation » démontre principalement que cet effet joue peu sur la fréquence des trayons surnuméraires. IL apparait toutefois significatif, notamment pour les femelles pointées en lactation 1. Ce résultat semble cohérent avec le fait que la quasi-totalité des reproductrices est pointée en lactation 1. Peu de femelles porteuses sont donc détectées en lactation 2 et plus.

L'âge de la mère à la naissance a également un impact faible sur la fréquence de trayons surnuméraires mais présente un clivage important des effets entre la descendance issue de mère d'un an et la descendance issue de mères plus âgées. Les individus issus des plus jeunes mères ont moins de chance de développer un trayon surnuméraire que les individus issus de mères de 2 ans et plus. Ce résultat semble cohérent avec l'étude de Brka *et al.* (2002) qui présentait des fréquences de trayons surnuméraires nettement inférieur à la moyenne au sein des descendants de première portée (mères plus jeunes). L'explication de ces résultats est complexe et ambiguë, mais peut résider dans la différence d'effectifs pointés. En effet, seulement 13 000 filles de race Alpine et 9 500 filles de race Saanen furent pointées alors que leur mère était âgée d'un an lors de leur naissance contre 63 500 filles Alpine et 38 600 filles Saanen issus de mère âgées de deux ans à leur naissance. Ces effectifs sont présentés sur l'annexe 5.

Néanmoins, après observation des annexes 4 et 5, le pointeur et l'interaction Cheptel\*campagne de pointage\*numéro de lactation présentent, pour les deux races, les impacts les plus forts du modèle sur l'apparition des trayons surnuméraires fonctionnels et non fonctionnels rassemblés



### 3. Les paramètres génétiques

#### A. Héritabilités

Suite à l'estimation des paramètres génétiques des 3 caractères par race avec un modèle linéaire, nous constatons des héritabilités très faibles et très éloignées des héritabilités présentées dans l'étude de Martin *et al.* (2016) qui étaient estimées à 0,44 en race Saanen et 0,40 en race Alpine. Cette importante différence entre les résultats obtenus et les résultats issus de la bibliographie réside dans l'estimation des héritabilités par des modèles différents (linéaire et binaire).

Après observation d'une telle différence, le choix de convertir les résultats obtenus par l'équation de Dempster *et al.* (1949) fût prise. Les résultats s'approchent alors plus de la bibliographie et semble plus cohérents pour le caractère TRFS. Le caractère TRS converti présente une héritabilité aussi convenable et proche de 0,40 bien qu'absente des recherches jusqu'ici. Cependant TRF présente de très fortes héritabilités pour les races Saanen et Alpine, ce résultat est étonnant en comparaison du caractère global TRFS. Cet énorme écart avec TRFS est lié à une fréquence de porteurs de TRF très faible qui, dans l'équation de Dempster *et al.* (1949), a un fort impact sur l'héritabilité obtenue. La viabilité de l'équation (: élaboration il y a 70 ans) pourrait être aussi une explication à la différence obtenue.

Les héritabilités issues du modèle binaire pour le caractère TRFS, bien que légèrement différentes des valeurs converties (à 0,04), restent cohérentes avec les valeurs trouvées par l'étude de Martien *et al.* (2016). Cependant, les héritabilités des caractères TRS et TRF établis seulement pour la race Alpine sont très faibles en comparaison des valeurs estimées converties. Ce gap entre les résultats proviendrait d'une part des héritabilités converties faussées mais aussi d'un logiciel d'indexation binaire avec faisant l'objet de problèmes de convergence face à une faible fréquence des caractères comme le traduit l'incapacité d'indexation binaire de la race Saanen.

L'importante différence des résultats obtenus entre les modèles prouve d'un impact conséquent du modèle utilisé sur la sélection du caractère et remet en cause l'utilisation du modèle linéaire, habituellement utilisé, dans l'indexation des caractères étudiés.

#### B. Corrélations

La corrélation entre les caractères TRS et TRF établie par le modèle linéaire est de 0,285 ( $\pm 0,143$ ) et peut être considérée comme faible. Elle prouve d'une indépendance des caractères TRS et TRF et de la nécessité d'une indexation propre à chacun de ces deux caractères. Ce résultat remet aussi en cause les résultats obtenus jusqu'ici (Martin *et al.*, 2016) qui considérait les trayons surnuméraires fonctionnels et non fonctionnels ensemble. Une détection de QTL conduite pour chacun des caractères (TRS et TRF) remettrait il en cause le déterminisme polygénique ?



La corrélation issue du modèle binaire (0,205) est plus faible que la corrélation obtenue par le modèle linéaire mais renforce l'idée de l'indépendance des caractères TRS et TRF. Cette différence de corrélation obtenue provient, tout comme pour les héritabilités, d'une estimation des corrélations par des modèles différents.

Les corrélations génétiques entre les postes morphologiques et le caractère TRFS restent très faibles voir nulles, démontrant ainsi qu'il n'y a pas de lien entre la forme de la mamelle et des trayons, et la présence (ou le pointage) des trayons surnuméraires. Ce constat est confirmé par les pointeurs qui voient des trayons surnuméraires sur tous les types de mamelle. Cependant, malgré ces corrélations faibles, toutes les valeurs sont négatives, prouvant l'impact bénéfique de l'amélioration des postes morphologiques sur l'apparition de trayons surnuméraires fonctionnels et non fonctionnels regroupés.

## 4. Evaluation génétique

### A. Comparaison des index entre le modèle linéaire et binaire

Les corrélations entre index des pères d'IA, selon le modèle utilisé (linéaire et binaire) et selon le caractère, ont montré que les index linéaire et binaire étaient très différents (corrélations nulles), excepté pour les index du caractère TRFS issus du modèle binaire. Ces corrélations entre les modèles prouvent de l'important gap entre les deux types indexations et accentue la défaillance de l'indexation binaire

### B. Corrélation des index issus des deux modèles avec la performance

En race Alpine, pour les caractères TRS e TRF, les corrélations entre l'index des pères et la fréquence de trayons surnuméraires parmi les filles ont montré que les index issus du modèle linéaire prédisent mieux l'apparition des trayons surnuméraires dans la descendance et semblent donc plus intéressants à utiliser que le modèle binaire. La difficulté à obtenir des index fiables en binaire est liée à la faible fréquence des trayons surnuméraires dans la population, ce qui ne permet pas le bon fonctionnement du logiciel utilisé en modèle binaire et rend difficile la convergence des résultats.

Compte tenu de ces résultats, nous avons approfondi l'étude des index en modèle linéaire pour savoir si ce modèle conviendrait à l'indexation des trayons surnuméraires fonctionnels et non fonctionnels pour la race Alpine et Saanen.

### C. Etude des index issus du modèle linéaire

L'étude de l'évolution des index issus du modèle linéaire au cours du temps ont montré une tendance à l'amélioration de ce caractère, liée à l'élimination des animaux porteurs par les éleveurs et des moyens mis en œuvre par Capgènes au niveau du schéma de sélection pour lutter contre les trayons surnuméraires lors des dernières années. Cependant cette évolution reste faible et pourrait être accentuée par une prise en compte de l'index trayons surnuméraires dans le schéma de sélection.



La deuxième partie de l'étude des index du modèle linéaire a permis de mettre en évidence la relation entre les index des pères et la fréquence des filles porteuses. Dans cette partie, nous avons comparé la population de pères avec 100 descendants minimum et la population comprenant tous les pères dans le but de choisir la population de père la plus pertinentes à indexer. Pour les deux races et pour les deux caractères étudiés : TRS et TRF, les pères avec plus de 100 descendants présentaient des index plus représentatifs de la performance obtenues que tous les pères ou les pères avec un minimum de 50 descendants. Ce résultat est logique compte tenu de la fréquence faible de ce caractère dans la population.

## V. Conclusions et perspectives

Les trayons surnuméraires se distinguent en 2 caractères distincts : les trayons surnuméraires fonctionnels et les trayons surnuméraires non fonctionnels. Ce travail a montré que ces caractères étaient indépendants et devaient être indexés séparément.

Le modèle linéaire semble, actuellement, le modèle le plus adapté à l'indexation de ces deux caractères. De plus, il serait le plus simple à faire fonctionner chaque année pour la race Alpine et Saanen. La population de pères d'IA avec au moins 100 filles paraît la plus adaptée pour obtenir des index des pères en adéquation avec les performances de leurs filles.

Un approfondissement du modèle binaire pourrait être effectué afin de permettre le fonctionnement du logiciel en race Saanen et de rendre plus représentatif les index produits en race Alpine. Les fréquences des caractères étudiés étant basses, elles ont posé beaucoup de problèmes dans l'ensemble de l'étude. Une augmentation de la fréquence des caractères en appliquant des restrictions sur la population indexée (avec un nombre de filles minimum par père) permettrait peut-être un meilleur fonctionnement des logiciels utilisés en modèle linéaire ou binaire Cette méthode, bien qu'elle réduise la population indexée, pourrait augmenter la relation entre index et performances : un compromis est alors à trouver.

Le choix aurait pu être fait d'utiliser un autre logiciel d'indexation binaire comme celui utilisé dans l'étude de Martin et al. (2016) : ASREML, mais celui-ci aurait présenté les mêmes difficultés et n'aurait pas fonctionné avec autant d'individu que dans l'étude.

La justesse de l'indexation pourrait être remise en cause par une restriction binaire de la notation des caractères étudiés. Un référencement plus précis du caractère sur sa position et sa taille pourrait approcher de manière plus précise son indexation et révéler certaines erreurs faites.

# Bibliographie

---

I. Misztal, S. Tsuruta, T. Strabel, B. Auvray, Tom Druet, D. H. Lee. (2002) BLUPF90 and related programs (BGF90). In Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production, vol. 28, no. 07.

Pauline Martin, Isabelle Palhière, Gwenola Tosser-Klopp, Rachel Rupp (2016), *Heritability and genome-wide association mapping for supernumerary teats in French Alpine and Saanen dairy goats*, Journal of Dairy Science, Vol. 99 No. 11, pages 8891 et 8900.

M. Brka, N. Reinsch, C. Tölü, T. Savas (2007), *Heritability of supernumerary teats in turkish Saanen goats*, 58<sup>th</sup> Animal Meeting of European Association for Animal Production.

M.N. Bemji, H.A. Tukur, S.I. Umejisi (2016), *Incidence of udder abnormalities in West African Dwarf and Kalahari red goats : influence of teat number on milk production*, Bulletin of Animal Health and Production in Africa, Vol. 64 No. 1.

A. Chakrabarti, P. C. Chandran, P. Kumar, A Dey (2014), *Teat and Udder Disorders in Goats (Capra hircus) in Bihar, India*, South Asian Journal of Life Sciences 2, pages 20 – 22.

K. Maijala et B. Kyle (1988), *Possibilities of developing sheep which suckle from several teats*, Journal of Agricultural Science in Finland, Vol. 60, pages 608-619.

L. Zhang, F. Peng, F. Yu, L. Wan, Z-Q. Zhou (2018), *Expression of ESR1, PRLR, GHR, and IGF1R in mammary glands of Hu sheep with four teats*, Czech Journal of Animal Science, No. 64, pages 49-58.

M. Brka, N. Reinsch, E. Kalm (2002), *Frequency and Heritability of Supernumerary Teats in German Simmental and German Brown Swiss Cows*, Journal of Dairy Science, Vol. 85, No., pages 1881-1886.

N. Duijvesteijn, J. M. Veltmaat, E. F. Knol, B. Harlizius (2014), *High-resolution association mapping of number of teats in pigs reveals regions controlling vertebral development*, BioMed Central Genomics.

P. Moroni, D. Nydam, P. Ospina, J. Scillieri-Smith, P. Virkler, R. Watters, F. Welcome, M. Zurakowski, N. Ducharme, A. Yeager (2018) *Diseases of the Teats and Udder*, Rebhun's Diseases of Dairy Cattle, 3<sup>ème</sup> édition, pages 389-465.

A. Butty, M. Frischknecht, B. Gredler, S. Neuenschwander, J. Moll, A. Bieber, C. Baes, Franz R. (2017) *Genetic and genomic analysis of hyperthelia in Brown Swiss cattle*. Journal of Dairy Science Vol. 100, No.1, pages 402-411.

J. Elbe (2012) La mamelle. Fiche technique GDS Puy-de-Dôme. N°7.

R. Barone (1990) *Anatomie comparée des mammifères domestiques*. Tome 4 : Splanchnologie II, page 951.

W.-F. Peng, S.-S. Xu, X. Ren, F.-H. Lv, X.-L. Xie, Y.-X. Zhao, M. Zhang, Z.-Q. Shen, Y.-L. Ren, L. Gao, M. Shen, J. Kantanen, M.-H. Li (2017) *A genome-wide association study reveals candidate genes for the supernumerary nipple phenotype in sheep (Ovis*

aries). *Animal Genetics : Immunogenetics, Molecular Genetics and Functional Genomics*. N°48, pages 570-579.

A. Bouillot (2006). *Contribution à l'étude des mammites de la chèvre dans la région de chefchaouen, maroc*. Page 39.

P. Maitre, M. Brochard, A. Cassard, F. Chatelain, C. Dumur, M. Ferrand, C. Fourcade, N. Gaudillière, M. Gelé, A. Launay, P. Le Mézec, B. Marnet, S. Mattalia, F. Petit, D. Pinard, M. Ravet, V. Reverchon, A. Rimbault, C. Sornay, P. Truchon (2015) *Planet' Monbéliarde*. N°7, pages 11-12.

Capgenes (2019) *Catalogue Alpin / Saanen*. Pages 4-14.

V. Clément, I. Palhière, H. Larroque (2014). *Evaluation génétique dans l'espèce caprine. Caractères de production laitière, de comptage de cellules somatiques et de morphologie*. Page 3-7.

E. Dempster, M. Lerner (1949) Heritability of threshold characters. *Genetics* 35. Page 222.

# Liste des tableaux et figures

---

## Figures

FIGURE 1 : SCHEMA DE DEUX TYPES DE TRAYONS SURNUMERAIRES FONCTIONNELS. « SEPARATE GLAND » : GLANDE SEPARÉE / « COMMON GLAND » : GLANDE COMMUNE. (SOURCE : MORONI, 2018)

FIGURE 2 : SCHEMA DES ETAPES DE DEVELOPPEMENT ET DE DIFFERENCIATION DES TRAYONS (SOURCE : BARONE, 1990)

FIGURE 3 : NOMBRE DE GENES IMPLIQUES DANS LES TRAYONS SURNUMERAIRES SELON LES FONCTIONS BIOLOGIQUES CONTROLEES. EN ROUGE : LES REGIONS SIGNIFICATIVES. (SOURCE : PENG ET AL., 2017)

FIGURE 4 : GRILLE DE POINTAGE DES REPRODUCTEURS CAPRIN EN 2019. (SOURCE : CAPGENES).

FIGURE 5 : SCHEMA DE SELECTION CAPRIN POUR LES RACES ALPINE ET SAANEN CONFONDUES. (SOURCE : CAPGENES)

FIGURE 6 : EVOLUTION DE LA FREQUENCE DE TRFS, TRS ET TRF DES INDIVIDUS ISSUS DE LA TABLE DE POINTAGE RACE ET SEXE CONFONDUES.

FIGURE 7 : EVOLUTION DE LA FREQUENCE DES TRAYONS SURNUMERAIRES SELON LE SEXE DE L'INDIVIDU PARMIS LA RACE SAANEN. SEXE 1 : MALES. SEXE 2 : FEMELLES.

FIGURE 8 : EVOLUTION DE LA FREQUENCE DES TRAYONS SURNUMERAIRES SELON LE SEXE DE L'INDIVIDU PARMIS LA RACE ALPINE. SEXE 1 : MALES. SEXE 2 : FEMELLES.

FIGURE 9 : REPRESENTATION DES EFFETS DES DIFFERENTS STADES SUR L'APPARITION DES TRAYONS SURNUMERAIRES FONCTIONNELS ET NON FONCTIONNELS RASSEMBLES, SELON LA RACE. \* : SIGNIFICATIF AU SEUIL DE 5% / NS : NON SIGNIFICATIF AU SEUIL DE 5%.

FIGURE 10 : DISTRIBUTION DES EFFETS DE L'AGE DE LA MERE A LA NAISSANCE SUR L'APPARITION DES TRAYONS SURNUMERAIRES FONCTIONNELS ET NON FONCTIONNELS RASSEMBLES, SELON LA RACE ALPINE OU SAANEN.

FIGURE 11 : CORRELATION DES INDEX DES PERES D'IA ET DE LA FREQUENCE DE DESCENDANTS PORTEURS DE TRFS, TRS OU DE TRF SELON LE CARACTERE ETUDIE ET LE MODELE UTILISE POUR LA RACE ALPINE. NS : NON SIGNIFICATIF, \* : SIGNIFICATIF AU SEUIL DE 5%.

FIGURE 12 : CORRELATION DES INDEX DES PERES D'IA ET DE LA FREQUENCE DE DESCENDANTS PORTEURS DE TRFS, TRS OU DE TRF SELON LE CARACTERE ETUDIE ET LE MODELE UTILISE POUR LA RACE SAANEN. NS : NON SIGNIFICATIF, \* : SIGNIFICATIF AU SEUIL DE 5%.

FIGURE 13 : EVOLUTION DES INDEX DES PERES D'IA POUR LES CARACTERES TRFS, TRS ET TRF EN FONCTION DU MILLESIME POUR LA RACE ALPINE.

FIGURE 14 : EVOLUTION DES INDEX DES PERES D'IA POUR LES CARACTERES TRFS, TRS ET TRF EN FONCTION DU MILLESIME POUR LA RACE SAANEN.

FIGURE 15 : EVOLUTION DES INDEX MOYENS DES PERES D'IA EN FONCTION DE L'AUGMENTATION DE LA FREQUENCE DE FILLES PORTEUSES DE TRAYONS SURNUMERAIRES FONCTIONNELS POUR LA RACE ALPINE.

FIGURE 16 : EVOLUTION DES INDEX MOYENS DES PERES D'IA AVEC AU MOINS 100 FILLES POINTEES EN FONCTION DE L'AUGMENTATION DE LA FREQUENCE DE FILLES PORTEUSES DE TRAYONS SURNUMERAIRES FONCTIONNELS POUR LA RACE ALPINE.

FIGURE 17 : EVOLUTION DES INDEX MOYENS DES PERES D'IA EN FONCTION DE L'AUGMENTATION DE LA FREQUENCE DE FILLES PORTEUSES DE TRAYONS SURNUMERAIRES NON FONCTIONNELS POUR LA RACE ALPINE.

FIGURE 18 : EVOLUTION DES INDEX MOYENS DES PERES D'IA AVEC AU MOINS 100 FILLES POINTEES EN FONCTION DE L'AUGMENTATION DE LA FREQUENCE DE FILLES PORTEUSES DE TRAYONS SURNUMERAIRES NON FONCTIONNELS POUR LA RACE ALPINE.

## Tableaux

TABEAU 1 : EVOLUTION DE L'EFFECTIF ET DE LA FREQUENCE DES FEMELLES PHENOTYPEES NEES ENTRE 2005 ET 2007 PRESENTANT UN CARACTERE DE POLYTHELIE POUR LES RACES SAANEN ET ALPINE D'APRES MARTIN ET AL. (2016).

TABEAU 2 : INDEX GENOMIQUE MOYEN DES MALES SAANEN EN 2019 ET LEUR EVOLUTION AVEC L'ANNEE PASSEE. SOURCE : CAPGENES

TABLEAU 3 : INDEX GENOMIQUE MOYEN DES MALES ALPINS EN 2019 ET LEUR EVOLUTION AVEC L'ANNEE PASSEE. SOURCE : CAPGENES

TABLEAU 4 : PRESENTATION DES P-VALUES ET DES SIGNIFICATIVITES DES EFFETS DU MODELE SELON LA RACE.

TABLEAU 5 : PRESENTATION DES PARAMETRES GENETIQUE DES CARACTERES TRFS, TRS ET TRF POUR LES RACES SAANEN ET ALPINE AINSI QUE DE LA CORRELATION ENTRE LES CARACTERES TRS ET TRF POUR LES DEUX RACES CONFONDUES ESTIMES PAR UN MODELE LINEAIRE..... VP : VARIANCE PHENOTYPIQUE, VA : VARIANCE GENETIQUE ADDITIVE, VR : VARIANCE GENETIQUE RESIDUELLE, H<sup>2</sup> : HERITABILITE.

TABLEAU 6 : PRESENTATION DE L'HERITABILITE DES CARACTERES TRFS, TRS ET TRF POUR LES RACES SAANEN ET ALPINE ET DE LA CORRELATION ENTRE TRS ET TRF ESTIMES PAR UN MODELE BINAIRE. VP : VARIANCE PHENOTYPIQUE, VA : VARIANCE GENETIQUE ADDITIVE, VR : VARIANCE RESIDUELLE,

TABLEAU 7 : CORRELATIONS GENETIQUE ET PHENOTYPIQUE DES POSTES MORPHOLOGIQUES AVEC LE CARACTERE TRFS CHEZ LA RACE SAANEN. CORR : CORRELATION / AVP : AVANT PIS / PRM : PROFIL MAMELLE / PLA : HAUTEUR PLANCHER / FAP : FORME ARRIERE PIS / AAR : LARGEUR ATTACHE ARRIERE

TABLEAU 8 : CORRELATIONS GENETIQUE ET PHENOTYPIQUE DES POSTES MORPHOLOGIQUES AVEC LE CARACTERE TRFS CHEZ LA RACE ALPINE. CORR : CORRELATION / AVP : AVANT PIS / PRM : PROFIL MAMELLE / PLA : HAUTEUR PLANCHER / FAP : FORME ARRIERE PIS / AAR : LARGEUR ATTACHE ARRIERE / LOT : LONGUEUR DES TRAYONS

TABLEAU 9 : CORRELATION ENTRE LES INDEX DES CARACTERES TRFS, TRS ET TRF ISSUS DU MODELE LINEAIRE ET BINAIRE POUR LA RACE ALPINE ET LA RACE SAANEN. EN ROUGE SONT REPRESENTES LES RESULTATS NON SIGNIFICATIFS.

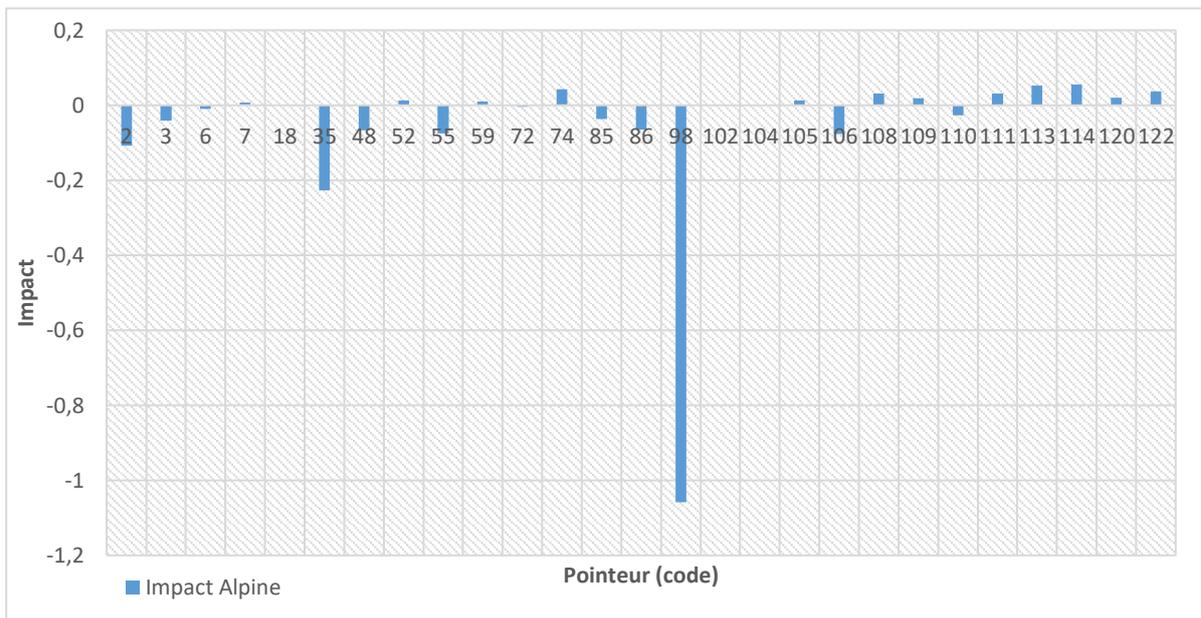
# Annexes

Race	Caractère	Echantillon	Taille échantillonnage	Burn-in	Effective sample size	Geweke Diagnostic
Saanen	TRFS	90 000	50	20 000	30,4	0,29
	TRS	/	50	/	/	/
	TRF	/	50	/	/	/
Alpine	TRFS	70 000	50	60 000	22,1	0,20
	TRS	90 000	50	50 000	11,0	-0,19
	TRF	70 000	50	40 000	17,1	0,22

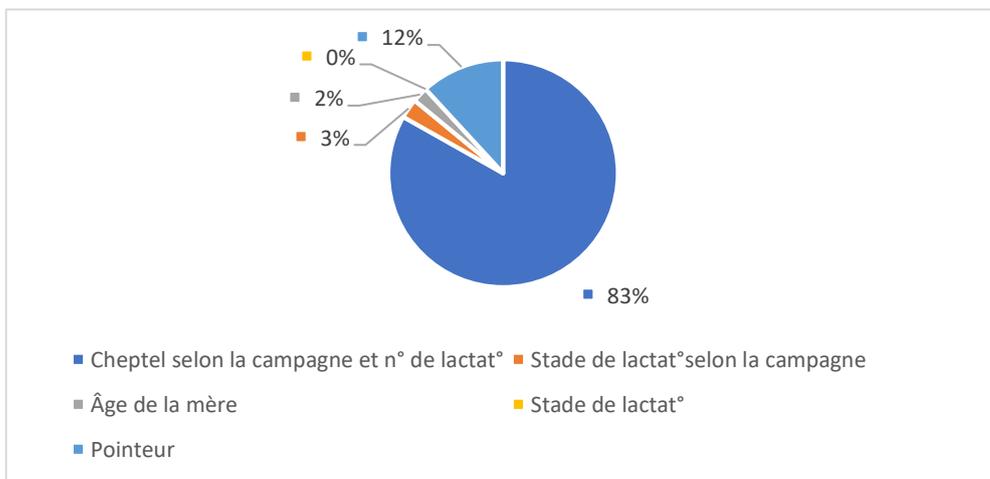
Annexe 1 : Tableau de présentation des 2 paramètres de sortie de Postgibbsf90 (Effective Sample Size et Geweke Diagnostic) et des 3 paramètres d'entrée de thrgibbsf90 (Echantillon, Taille d'échantillonnage et Burn-In) pour les races Alpine et Saanen selon les caractères TRFS, TRS et TRF.

			Echantillon bas	Echantillon testé	Echantillon haut
Alpine	TRFS	Echantillon bas	1.0000000		
		Echantillon testé	0.9999976	1.0000000	
		Echantillon haut	0.9999975	0.9999972	1.0000000
	TRS	Echantillon bas	1.0000000		
		Echantillon testé	0.9450627	1.0000000	
		Echantillon haut	0.8333118	0.9682186	1.0000000
	TRF	Echantillon bas	1.0000000		
		Echantillon testé	0.9987955	1.0000000	
		Echantillon haut	0.9889981	0.9988973	1.0000000
Saanen	TRFS	Echantillon bas	1.0000000		
		Echantillon testé	1.0000000	1.0000000	
		Echantillon haut	0.9999998	0.9999998	1.0000000

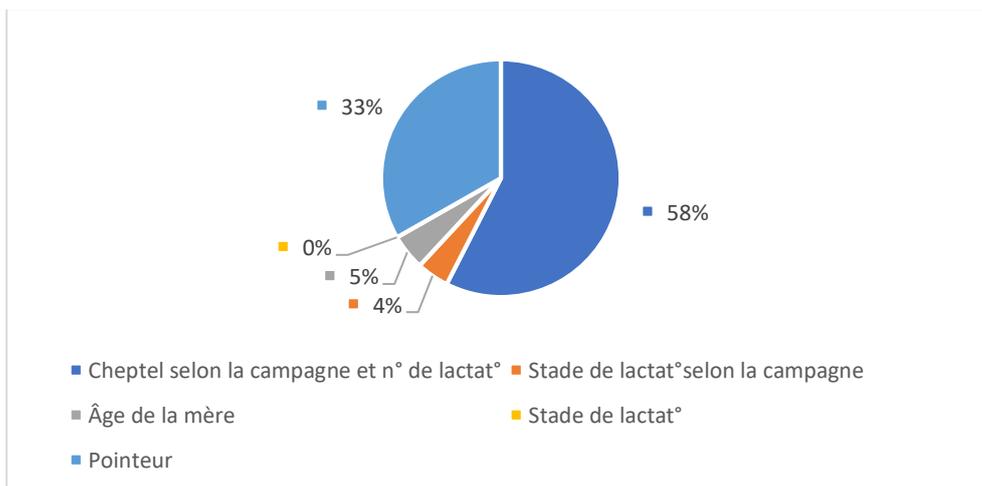
Annexe 2 : Tableau de présentation des corrélations entre l'échantillon analysé et les échantillons encadrants pour la vérification de la convergence de l'échantillon encadré (testé) selon le caractère étudié pour chacune des races Alpine et Saanen.



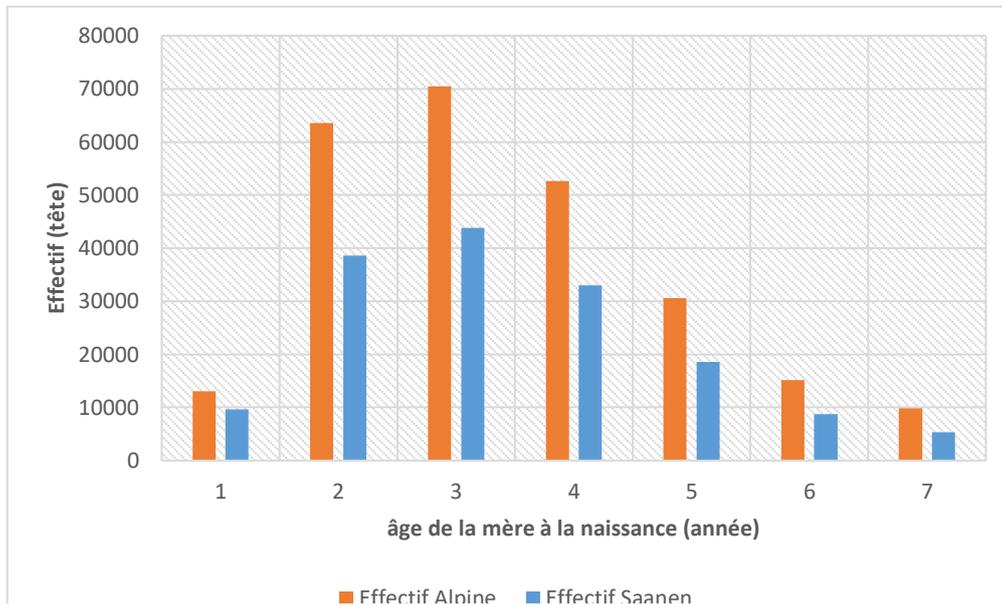
Annexe 3 : Présentation des effets du pointeur sur l'apparition des trayons surnuméraires fonctionnels et non fonctionnels pour la race Alpine.



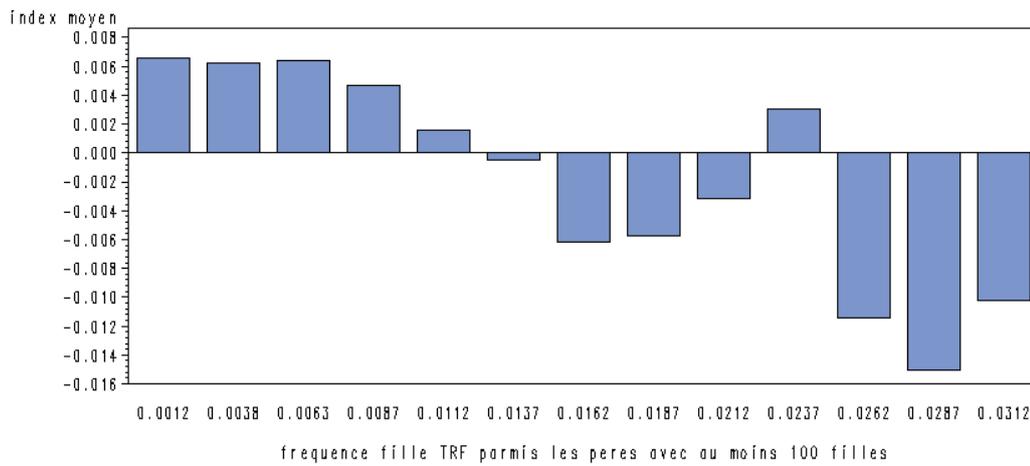
Annexe 4 : Distribution des effets fixes du modèle final sur la variabilité phénotypique chez la race Alpine pour le caractère TRFS.



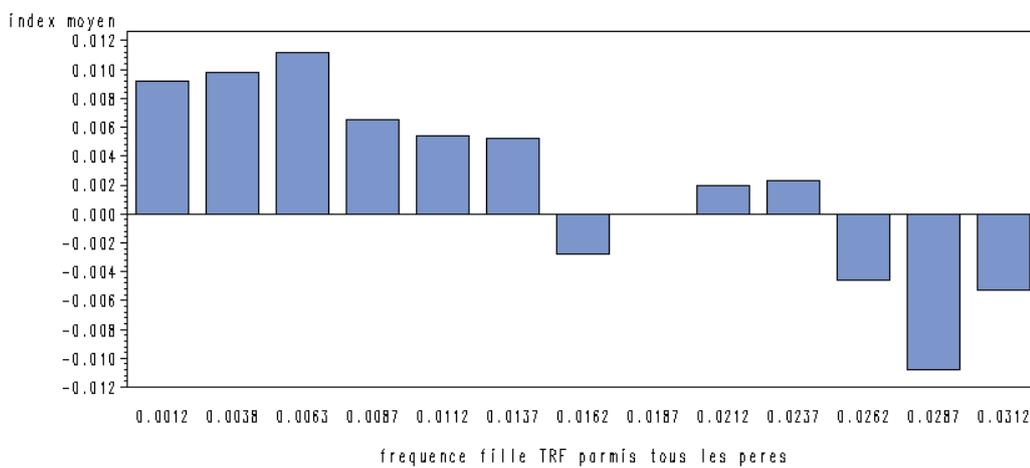
Annexe 5 : Distribution des effets fixes du modèle final sur la variabilité phénotypique chez la race Saanen pour le caractère TRFS.



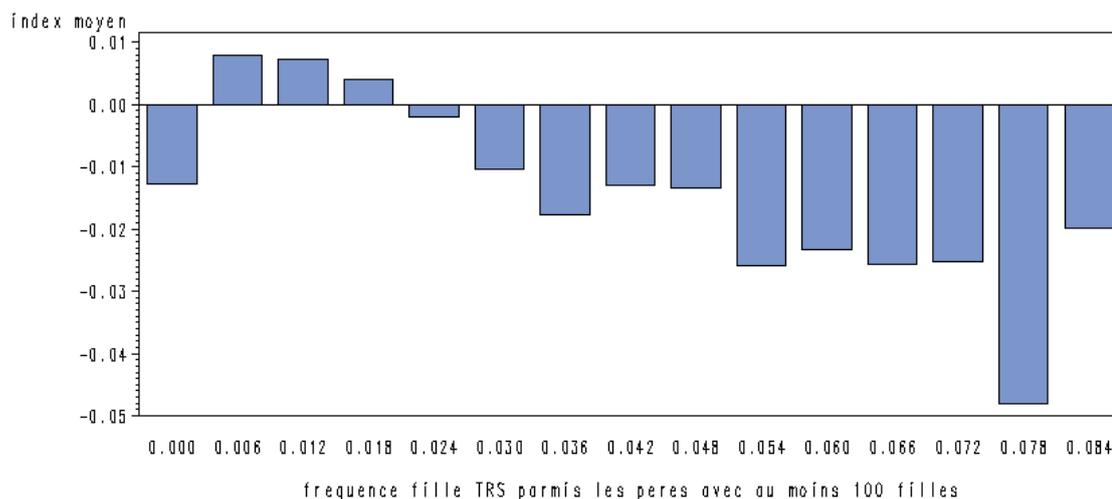
Annexe 6 : Répartition des effectifs selon l'âge de la mère à la naissance pour chacune des races : Alpine et Saanen.



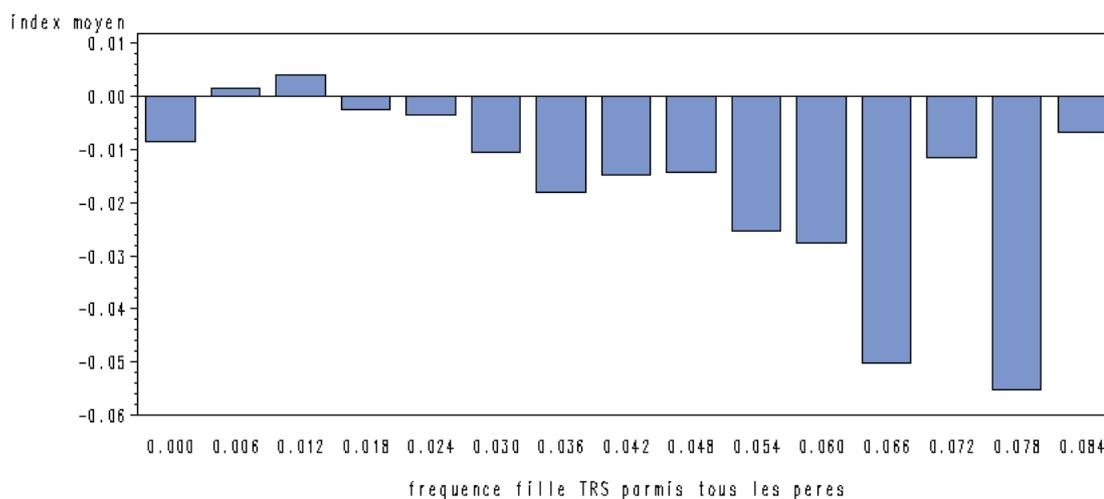
Annexe 7 : Evolution des index moyens des pères d'IA avec au moins 100 filles pointées face à l'augmentation de la fréquence de fille porteuse de trayons surnuméraires fonctionnels pour la race Saanen.



Annexe 8 : Evolution des index moyens des pères d'IA face à l'augmentation de la fréquence de fille porteuse de trayons surnuméraires fonctionnels pour la race Saanen.



Annexe 9 : Evolution des index moyens des pères d'IA avec au moins 100 filles pointées face à l'augmentation de la fréquence de fille porteuse de trayons surnuméraires non fonctionnels pour la race Saanen.



Annexe 10 : Evolution des index moyens des pères d'IA face à l'augmentation de la fréquence de fille porteuse de trayons surnuméraires non fonctionnels pour la race Saanen.

		Index TRS			Index TRF		
		Global	50 desc. min.	100 desc. min.	Global	50 desc. min.	100 desc. min.
Alpine	100 desc. min.	-0,34494	-0,37744	-0,44492	-0,19477	-0,24205	-0,2894
	50 desc. min.	-0,34576	-0,37698	/	-0,18987	-0,2397	/
Saanen	100 desc. min.	-0,24666	-0,21553	-0,2514	-0,2624	-0,32267	-0,40791
	50 desc. min.	-0,24163	-0,2091	/	-0,2612	-0,32283	/

Annexe 11 : Tableau des corrélations entre la fréquence de descendants porteur par père et leurs différents index (global, 50 descendants minimum et 100 descendants minimum) selon le caractère et le nombre de descendants, pour les deux races Saanen et Alpine. Desc. : descendants / Min. : minimum.

# Résumé

---

Ce rapport est une étude du caractère « trayon surnuméraire » et de ses homologues fonctionnels et non fonctionnels chez les races caprines laitière Saanen et Alpine. Suite au maintien d'une fréquence résiduelle de cette tare dans les élevages mais de sa bonne héritabilité, l'objectif fixé fût l'élaboration d'une indexation pour la sélection des boucs destinés au centre de testage. Cependant, face à un caractère binaire et à la présence de différents types de trayons surnuméraires, le choix du modèle d'indexation ainsi que des caractères à indexer reste incertain. Tout au long de l'étude une comparaison des modèles linéaires et binaires est faite sur un échantillon issu de la table de pointage Capgènes du 08/04/19. En amont de l'indexation, une analyse descriptive du jeu de données est effectuée afin de faire un état des lieux des caractères étudiés (TRFS, TRS et TRF), elle est suivie par la recherche de facteurs de variations qui constitueront le modèle d'environnement, 5 effets s'avéraient significatifs. Une fois le modèle fixé, une estimation des paramètres génétique est effectuée pour chacune des races (Alpine et Saanen) et à l'aide des deux modèles (Linéaire et Binaire). La faible corrélation entre les caractères TRS et TRF traduit une indépendance des deux caractères et de la nécessité de leur indexation séparée. L'indexation des caractères TRS et TRF par les deux modèles, présente un modèle linéaire beaucoup approprié surtout pour les pères possédant un minimum de 100 filles référencées.

Mots-Clefs : Polythélie, indexation, héritabilité, modèle, caractères.

This report is a study about supernumerary teats (SNT) and its types, functional and unfunctional, in goat breeding in Alpine and Saanen breed. With a low sustainable frequency of those characters in breeding, the goal was to index them to increase the selection of billy goat before the testing center. However, with a binary character and with the different types of SNTs the indexing model is not fixed, that is why, all along this study, we compare linear and binary model thanks to a sample of scoreboard from Capgènes (April 8<sup>th</sup>, 2019). Before indexing, we have done a descriptive analysis about our dataset to show the evolution of our characters (SNT and its types) and their frequencies in Alpine and Saanen breed. After this analysis, in a first time, we have created an environment model with 5 significant effects to estimate in a second time genetics parameters of our SNT for each breed (Alpine and Saanen), by each model. The low link between functional SNT and unfunctional SNT has shown us they are independent and must be indexed separately. Finally, the indexation has described a linear model more linked between with performance than the binary model, furthermore, this linear indexation shown she was better for billy goat with more than 100 daughters than the global sample with all billy goat.

Key words: polythelia, indexation, heritability, model, characters

---