

Evaluation génomique contrôles élémentaires pour la quantité de lait et corrélations avec des index de robustesse chez les chèvres laitières françaises

ARNAL M. (1,2), DUCROCQ V. (3), PALHIÈRE I. (1), CHASSIER M. (2), ROBERT-GRANIE C. (1), LARROQUE H. (1)

(1) GenPhySE, Université de Toulouse, INRAE, ENVT, F-31326, Castanet Tolosan

(2) Institut de l'Élevage, Chemin de Borde Rouge, 31326 Castanet-Tolosan cedex

(3) Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, UMR GABI, 78350, Jouy-en-Josas, France

Résumé

L'objectif de cette étude était d'une part de présenter un modèle d'évaluation génomique contrôles élémentaires (ssGBLUP_TDM) de la quantité de lait en caprins, et d'autre part d'étudier les corrélations entre les valeurs génétiques (index) générés par ce modèle et les index pour des caractères de robustesse comme la fertilité à l'insémination animale (Fert) et la longévité (LONG).

L'étude est basée sur les contrôles laitiers de chèvres, mesurées de la première à la troisième lactation entre 2000 et 2017. Le ssGBLUP_TDM développé permet de générer des index de production quotidiens ainsi que six index, correspondant au niveau de production et à la persistance pour les trois premiers rangs de lactation.

Les index obtenus pour le niveau de production avec le ssGBLUP_TDM étaient proches de ceux calculés par le modèle à la lactation classiquement utilisé dans les évaluations génétiques officielles. L'utilisation de l'information génomique a permis d'augmenter la précision des index des jeunes mâles et de réduire les biais.

Les corrélations entre les index issus du ssGBLUP_TDM et les index Fert et LONG ont été calculées pour les mâles ayant au moins 25 descendantes. Un index quotidien élevé pour la quantité de lait au moment de l'IA avait une relation défavorable avec l'index Fert. De plus, l'index persistance du lait était négativement corrélé à l'index Fert en primipares comme en multipares. Pour la longévité, un index quotidien élevé pour la quantité de lait chez les primipares était associé à un index LONG plus faible, tandis qu'un index quotidien élevé pour la quantité de lait en fin de lactation chez les multipares était positivement corrélé à l'index LONG. Enfin, la persistance laitière était positivement corrélée à la longévité chez les primipares et les multipares.

Cette étude apporte de nouveaux éléments de réflexion pour de futurs objectifs de sélection. De plus, les index pour la persistance du lait pourraient être utilisés comme un outil de sélection supplémentaire en fonction des objectifs des éleveurs : favoriser la longévité et les très longues lactations ou au contraire préférer des mises-bas groupées pour une production saisonnée.

Development of a genomic test day evaluation for milk production traits and correlations between generated indexes and robustness indexes in French dairy goats.

ARNAL M. (1,2), DUCROCQ V. (3), PALHIÈRE I. (1), CHASSIER M. (2), ROBERT-GRANIE C. (1), LARROQUE H. (1)

(1) GenPhySE, Université de Toulouse, INRAE, ENVT, F-31326, Castanet Tolosan

(2) Institut de l'Élevage, Chemin de Borde Rouge, 31326 Castanet-Tolosan cedex

Summary

The objective of this study was on one hand to present the test-day model for genomic evaluation (ssGBLUP_TDM) of milk yield in goats, and on the other hand to study the correlations between the estimated breeding values (indexes) generated by this model with the indexes for robustness traits such as animal insemination fertility (Fert) and longevity (LONG).

The study was based on milk yield test day of goats, measured from first to third lactation between 2000 and 2017. The ssGBLUP_TDM developed produces daily production indexes as well as six indexes, corresponding to production level and persistency for the first three parities.

The indexes obtained for the production level with the ssGBLUP_TDM were close to those calculated by the lactation model classically used in official genetic evaluations. The use of genomic information increased the accuracy of the indexes for young males and reduced bias.

Correlations between the indexes from the ssGBLUP_TDM and the Fert and LONG indexes were calculated for males with at least 25 offspring. A high daily index for the amount of milk at the time of AI had an unfavorable relationship with the Fert index. In addition, milk persistency index was negatively correlated with the Fert index in both primiparous and multiparous females. For longevity, a high daily index for milk quantity in primiparous females was associated with a lower LONG index, while a high daily index for milk quantity at the end of lactation in multiparous females was positively correlated with the LONG index. Finally, milk persistency was positively correlated with longevity in both primiparous and multiparous females.

This study provides new elements for future breeding objectives. Moreover, milk persistency indexes could be used as an additional selection tool depending on the breeders' objectives: to favour longevity and very long lactations or, on the contrary, to prefer grouped kidding for seasonal production.

INTRODUCTION

Depuis les années 60, les chèvres de races Saanen et Alpine ont été sélectionnées pour des caractères de production

(quantité de matière protéique, taux protéique puis matière grasse et taux butyreux caractères de morphologie et enfin cellules somatiques) (Piacère, 2008). Au cours de cette sélection entre 1980 et 2015, en Alpine et Saanen, la

production laitière a progressé (10kg de lait/an) mais les intervalles entre deux mises bas (IVV) et les scores de cellules somatiques (SCS) ont également progressé (+1,14 j IVV/an, +0,031 SCS/an) alors que la longévité a diminué (-0,008 lactation/an) (Arnal, 2019).

Dans ce contexte, la persistance laitière paraît intéressante à plusieurs titres. Un animal persistant, c'est-à-dire qui produit moins en début de lactation et plus à la fin de la lactation, comparé à un animal moyen produisant au total la même quantité de lait, aura des besoins alimentaires plus réduits au moment du pic de lactation (Dekkers *et al.*, 1998) et par conséquent sa balance énergétique sera moins négative (Muir *et al.*, 2004). En effet, l'énergie nécessaire au pic de lactation est supérieure à celle apportée par l'alimentation et la chèvre puise donc dans ses réserves corporelles. En bovins, un déficit énergétique trop important peut être à l'origine d'une baisse du système immunitaire et de l'apparition de problèmes de santé (Oltenacu and Algers, 2005). Une persistance laitière plus élevée pour un animal serait donc associée à une balance énergétique moins négative au pic de lactation et de façon corrélée à une diminution des problèmes métaboliques. En bovins, cette persistance est aussi associée à une meilleure fertilité avec une mise à la reproduction classique à seulement 3 mois de lactation (Jakobsen *et al.*, 2003). En caprins, la situation est différente puisque la reproduction, dans un système à une mise-bas par an, intervient au bout de 7 mois de lactation, c'est-à-dire en fin de lactation. Il peut donc y avoir un antagonisme entre persistance, i.e. production de lait importante en fin de lactation, et fertilité.

Une persistance élevée à l'échelle d'un troupeau ou d'une collecte laitière engendre une production mieux répartie au cours de la campagne de traite. Cela est particulièrement avantageux en caprins car le rythme biologique de la reproduction induit une production de lait très saisonnée.

Plusieurs paramètres permettent de mesurer la persistance mais ils sont plus ou moins corrélés à la quantité de lait totale produite lors de la lactation (Gengler (1996)). La sélection génétique conjointe optimale de ces 2 caractères nécessiterait de disposer pour la persistance laitière d'un critère non corrélé à la quantité totale de lait produite au cours de la lactation. Il serait également intéressant de disposer de ce type d'information pour les autres caractères de production : matières grasse et protéique, taux butyreux (TB) et protéique (TP), ainsi que pour les scores de cellules somatiques (SCS). Le premier objectif de cet article est d'étudier le développement d'un modèle d'évaluation génomique à partir des informations recueillies lors de chaque contrôle en ferme qui, en modélisant les formes de courbes de lactation, permet d'obtenir une valeur génétique de la persistance pour la quantité de lait. Le deuxième objectif de ce travail, est d'étudier grâce aux valeurs génétiques (ou index) ainsi obtenues, les relations entre ces caractères et d'autres caractères de durabilité tels que la longévité (LONG), ou la réussite à l'insémination animale (Fert).

1. MATERIELS ET METHODES

1.1. LE MODELE D'EVALUATION GENOMIQUE CONTROLES ELEMENTAIRES

Les modèles contrôles élémentaires à régression aléatoire (TDM) modélisent la courbe de lactation à partir de chacun des contrôles élémentaires en ferme et permettent d'estimer conjointement et de façon dynamique l'évolution d'effets génétiques et d'environnement tout au long de la lactation. Le modèle est détaillé dans l'article Arnal *et al.* (2020).

L'étude s'est basée sur les contrôles laitiers de chèvres mesurées de la première à la troisième lactation entre 2000 et 2017 (1 306 704 lactations de chèvres Saanen et 1 698 032 de chèvres Alpines). De plus, 1 242 animaux de race Saanen et 1 925 de race Alpine étaient génotypés avec la puce Illumina SNP50 BeadChip. Le meilleur ajustement aux contrôles laitiers élémentaires pour les différents caractères a été obtenu avec un TDM utilisant un polynôme de Legendre quadratique pour

modéliser les effets génétiques et d'environnement permanent. Une réduction du rang des matrices de variances covariances génétique et d'environnement permanent a été réalisée par décomposition des valeurs propres afin de réduire les temps de calcul et la complexité du modèle. Ceci a permis de résumer l'information génétique à deux index décorrélés : le niveau de production à la lactation et la persistance laitière. Ce modèle permet également d'obtenir des index quotidiens en fonction du stade de lactation. Le TDM développé génère six index, correspondant au niveau de production et à la persistance pour les trois premières lactations (Arnal *et al.*, 2020). Les paramètres génétiques utilisés ont été estimés dans une étude précédente (Arnal *et al.*, 2020).

Deux modèles d'évaluation génétique (BLUP) et génomique (utilisant en même temps l'information génomique, le pedigree et les données de performances dans un single-step GBLUP (ssGBLUP)) basés sur la production totale (LACT) ou à partir des contrôles élémentaires (TDM) ont été comparés. Pour le TDM, il a été possible de combiner les 6 index du TDM en un index global en moyennant les index quotidiens des 3 lactations. La population des jeunes boucs génotypés, ayant des filles contrôlées, a été divisée en 2 populations : d'apprentissage et de validation, soit 430 boucs d'apprentissage de race Saanen et 555 boucs d'apprentissage de race Alpine pour 133 boucs Saanen de validation et 172 boucs de validation de race Alpine. Les index des boucs de validation calculés dès leur naissance (sans information de leurs filles) ont été comparés à leur DYD (daughters yield deviation ou performances moyennes de leurs filles corrigées des effets d'environnement et de la valeur génétique de leur mère). Pour cela, des corrélations, des pentes de régression et des biais (différences de moyennes) ont été estimés entre ces deux informations. Le modèle le plus prédictif est celui pour lequel les index des boucs à leur naissance sont les plus proches possibles des DYD (considérées comme des valeurs génétiques de référence des boucs). Le logiciel blup90iod2 a été utilisé pour générer les index (Aguilar *et al.*, 2010 ; Misztal *et al.*, 2002) et le logiciel Genokit pour générer les DYD (Ducrocq, 1998).

1.2. CORRELATIONS ENTRE CARACTERES

Nous avons approché les corrélations génétiques entre caractères par des corrélations entre valeurs génétiques (index) des boucs ayant au moins 25 filles avec au moins une lactation contrôlée. Les corrélations entre index peuvent être différentes des corrélations génétiques, le signe de la corrélation est généralement le même, mais la valeur de la corrélation génétique est souvent plus forte. Les index de longévité ont été calculés dans le cadre du projet CASDAR Rustic et les index réussite à l'insémination artificielle (fertilité) dans le cadre de l'action innovante France Génétique Elevage Capfert. Pour ces deux critères, il s'agit d'index expérimentaux non définitifs en cours de mise au point. Au total, 294 boucs Saanen et 503 boucs Alpines nés entre 1998 et 2013, génotypés et avec plus de 25 filles multipares ont été utilisés pour le calcul des corrélations entre index.

2. RESULTATS

2.1. MODELE DE REGRESSION ALEATOIRE

Les paramètres génétiques selon le TDM pour la quantité de lait sont présentés au Tableau 1. La mise au point du modèle d'évaluation a montré que le potentiel génétique pour le niveau de production laitière en primipares et multipares était sensiblement différent avec une corrélation génétique de 0,67 entre niveaux en première et en troisième lactation en race Saanen et de 0,66 en Alpine (Arnal *et al.*, 2020). En Saanen, la corrélation entre la persistance en première lactation et en troisième lactation était seulement de 0,44 signifiant que ce sont deux caractères différents ; ce qui est moins vrai en Alpine (0,75). Les corrélations entre niveau et persistance intra-lactation sont nulles mais entre rangs de lactation les corrélations peuvent être importantes illustrant un antagonisme : -0,42 entre le niveau en première lactation et la

persistance en troisième lactation en Saanen et de -0.3 en Alpine.

	NIV_PR	PER_PR	NIV_DE	PER_DE	NIV_TR	PER_TR
NIV_PR	0,31/0,26	-0,02	0,82	-0,17	0,66	-0,30
PER_PR	0,00	0,1/0,1	0,02	0,80	0,01	0,75
NIV_DE	0,84	0,14	0,28/0,26	-0,02	0,95	-0,16
PER_DE	-0,24	0,62	-0,01	0,13/0,15	0,08	0,96
NIV_TR	0,67	0,12	0,96	0,11	0,27/0,27	-0,02
PER_TR	-0,42	0,44	-0,17	0,92	0,00	0,16/0,15

Tableau 1 : Héritabilités et corrélations génétiques entre niveau (NIV) et persistance (PER) de la quantité de lait pour les 3 premières lactations (PR, DE, TR) en races Alpine et Saanen.

(Sur la diagonale : héritabilités en Saanen / héritabilités en Alpine ; au-dessus de la diagonale : corrélations génétiques en Alpine, en dessous de la diagonale : corrélations génétiques en Saanen; NIV_PR : niveau première lactation, PER_PR : persistance première lactation, NIV_DE : niveau deuxième lactation, PER_DE : persistance deuxième lactation, NIV_TR : niveau troisième lactation, PER_TR : persistance troisième lactation)

Les index obtenus pour le niveau de production avec le TDM sont proches de ceux calculés par le modèle à la lactation classiquement utilisé dans les évaluations génétiques officielles (LACT). La corrélation entre les index des deux modèles, avec utilisation des données génomiques, est de 0.92 pour les boucs de validation en Saanen. Le tableau 2 présente les biais, les pentes de régression et les corrélations entre, d'une part les index obtenus à la naissance avec ou sans information génomique (ssGBLUP et BLUP respectivement) et selon les modèles LACT ou TDM, et d'autre part les DYD pour les boucs de validation Saanen et le caractère quantité de lait. L'ajout de l'information génomique améliore les corrélations entre valeurs génétiques à la naissance et DYD quel que soit le type de modèle, et ceci est plus marqué en race Saanen. Le type de modèle a peu d'impact sur les corrélations. Les modèles de régression aléatoires réduisent le biais (0,13 pour les modèles LACT et 0,07 pour les TDM) alors que l'information génomique a peu d'impact sur ce critère. L'information génomique améliore les pentes de régression quel que soit le modèle (pour le TDM : 0,63 en BLUP et 0,77 pour le ssGBLUP). Les pentes sont en revanche supérieures avec un TDM avec ou sans génomique (avec génomique : LACT : 0,75, TDM : 0,77). Les conclusions étaient similaires pour l'ensemble des caractères de production étudiés.

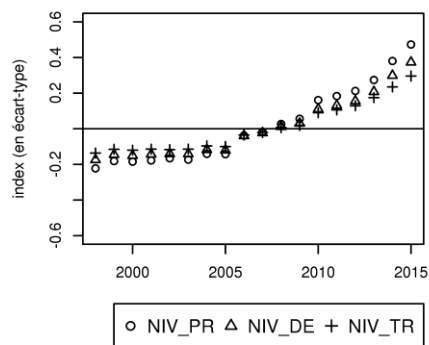
	LACT		TDM	
	BLUP	ssGBLUP	BLUP	ssGBLUP
Biais	0,134	0,120	0,075	0,075
Corrélation	0,326	0,434	0,316	0,425
Pente	0,572	0,749	0,626	0,770

Tableau 2 : Biais, corrélations et pentes de régression pour les boucs de validation Saanen pour la quantité de lait

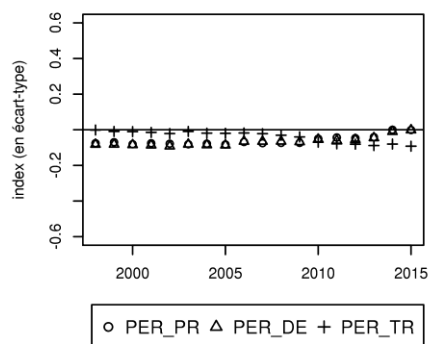
Enfin, à la suite des évaluations ssGBLUP, il est possible de mettre en évidence les polymorphismes nucléotidiques (SNP) qui sont liés aux caractères étudiés. Le ssGBLUP_TDM a permis de mettre en évidence des zones du génome associées au caractère persistance : pour le lait et les matières sur le chromosome 19 (en Saanen et primipares), pour le TB sur le chromosome 6 (en Saanen multipares), pour les SCS sur le chromosome 6 (en Saanen et le chromosome 23 en Alpine. L'étude a de plus confirmé pour les niveaux de production des

régions déjà identifiées pour les caractères à la lactation (Martin *et al.*, 2017).

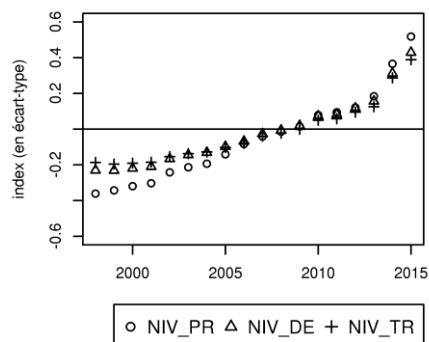
2.2. EVOLUTION DES INDEX



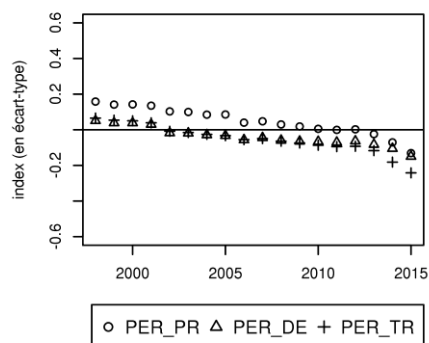
a)



b)



c)



d)

Figure 1 : Evolution, pour les chèvres mesurées, des index en fonction de leur année de naissance (en unité d'écart-type génétique) du niveau (a) en Saanen et (c) en Alpine et de la persistance (b) en Saanen et (d) en Alpine, pour le LAIT et les 3 premiers rangs de lactation.

(NIV_PR : index niveau pour première lactation, PER_PR : index persistance pour la première lactation, NIV_DE : index niveau pour deuxième lactation, PER_DE : index persistance pour la deuxième lactation, NIV_TR : index niveau pour troisième lactation, PER_TR : index persistance pour la troisième lactation)

La Figure 1 présente l'évolution des index ssGLUP_TDM de niveau et de persistance par rang de lactation en fonction de l'année de naissance pour les femelles dont la production a été contrôlée. Pour le niveau et dans les 2 races, les index suivent la même évolution quel que soit le rang de lactation et la race. L'augmentation est importante et régulière, traduisant ainsi l'effort de sélection pour la quantité de lait totale. Cependant, le niveau en primipares semble avoir connu la plus forte augmentation. En revanche, pour la persistance, l'évolution est peu importante en race Saanen contrairement à la race Alpine où la persistance semble se détériorer quel que soit le rang de lactation

2.3. CORRELATIONS ENTRE CARACTERES

Le modèle de régression aléatoire développé nous permet de séparer la capacité génétique à produire du lait en primipares et en multipares. Les corrélations entre index des boucs ont été calculées entre les index longévité et fertilité d'une part et LAIT niveau et persistance pour les 3 premières lactations d'autre part (Figure 2). Les corrélations montrent dans les deux races des oppositions de signes selon le rang de lactation. En effet, l'index primipares niveau LAIT est fortement corrélé négativement avec la longévité en Saanen (-0,45) et uniquement à -0,1 en Alpine, alors que la corrélation est positive avec l'index en troisième lactation (0,15) en Saanen et (0,25) en Alpine. La persistance en primipares est légèrement corrélée négativement avec la longévité (valeur proche de 0) alors que la persistance en multipares est corrélée positivement en particulier en Saanen (+0,35 en troisième lactation).

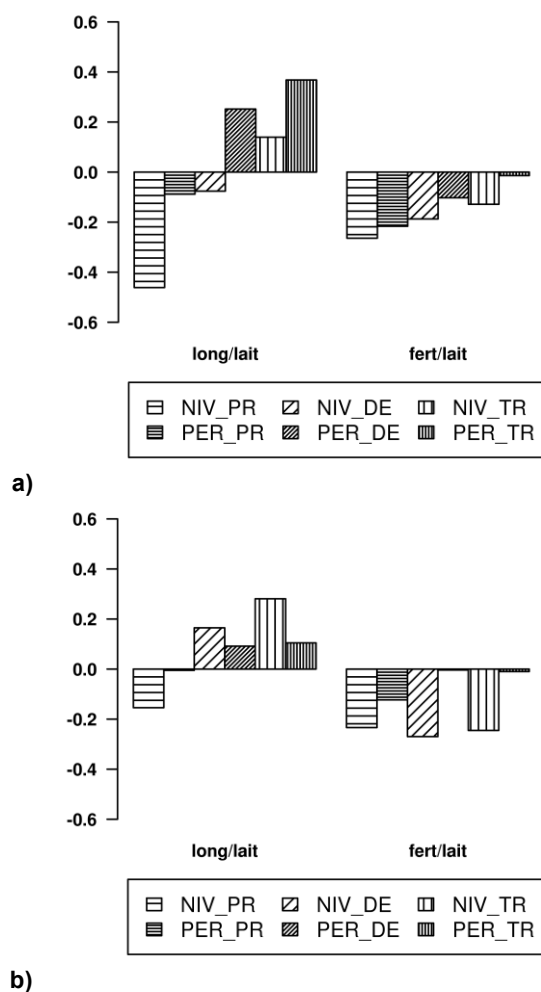


Figure 2 : Corrélation entre les index issus du modèle de régression aléatoire niveau (NIV) et persistance (PER) pour LAIT avec la longévité (long) et la fertilité (fert) pour les boucs de race Saanen (a) et Alpine (b)

(NIV_PR : niveau première lactation, PER_PR : persistance première lactation, NIV_DE : niveau deuxième lactation, PER_DE : persistance deuxième lactation, NIV_TR : niveau troisième lactation, PER_TR : persistance troisième lactation)

Pour la fertilité, les index LAIT niveau et persistance sont corrélés négativement avec l'index réussite à l'insémination animale en Alpine comme en Saanen. En Saanen, cette corrélation négative avec LAIT est plus importante en primipares qu'en multipares pour le niveau comme pour la persistance. Cette différence de corrélation entre primipares et multipares n'est pas observée en Alpine pour le niveau mais elle existe pour la persistance (-0.15 en primipare et 0 en multipares).

3. DISCUSSION

Cette étude a montré qu'une évaluation génomique à partir des contrôles élémentaires est réalisable en caprins en France. Même si l'utilisation du modèle de régression aléatoire a peu d'impact sur l'aspect prédictif du niveau génétique pour la production laitière totale (objectif de sélection actuel) il accroît la précision en améliorant les pentes de régression et en diminuant le biais.

Cette évaluation permet d'obtenir des index pour le niveau de production et la persistance décorrélés intra lactation tout en distinguant les potentiels génétiques différents pour les trois premières lactations. Elle permet également de calculer des index par jour de production qui peuvent être utilisés pour suivre les évolutions génétiques au cours de chaque lactation. La prise en compte de cette différence par le modèle TDM permet une évaluation génétique plus fine des caractères de production par rapport à l'évaluation classique actuelle. Elle permet également d'estimer des corrélations entre index qui évoluent au cours de la carrière des animaux. Nous avons observé que le potentiel de production est sensiblement différent en primipares et en multipares pour la quantité de lait pour le niveau comme pour la persistance. Les corrélations entre niveau et persistance entre différents rangs de lactation sont non nulles.

Les corrélations entre index issus du ssGLUP_TDM et index fertilité semblent montrer qu'il existe un antagonisme génétique entre niveau de production et fertilité dans les 2 races, et qu'il est plus important en première lactation en race Saanen. La plus grande difficulté à se reproduire en primipares a été observée dans une étude phénotypique précédente avec des pourcentages de réussite à l'IA plus faibles pour les primipares comparés à ceux pour les multipares en Saanen et en Alpine (Chanvallon *et al.*, 2013). La corrélation négative (-0,2 en primipares en Saanen et -0,12 en Alpine) entre index fertilité et la persistance laitière pourrait s'expliquer par une production de lait plus importante en fin de lactation au moment où a lieu l'insémination artificielle (à environ 210 jours de lactation) pour les chèvres plus persistantes.

Pour la longévité, c'est la production laitière en début de première lactation qui est la plus fortement corrélée défavorablement. En revanche, une production élevée en multipares en fin de lactation est corrélée de façon positive avec la longévité. La corrélation positive entre longévité et production laitière en fin de lactation est illustrée ici par la corrélation positive entre longévité et persistance laitière (+0,2). L'antagonisme entre performances élevées en primipare et moindre longévité a déjà été répertorié chez les bovins (Haiger, 2018 ; Knaus, 2009 ; Vissac, 2002).

Comme nous l'avons souligné en introduction, la persistance laitière présente de nombreux avantages pour la durabilité des élevages. Sa relation favorable avec la longévité ainsi que la diminution actuelle constatée du niveau génétique de ce caractère en race Alpine plaide pour son intégration dans de futurs objectifs de sélection. Cependant, ces objectifs devront être élaborés à la lumière également de sa relation négative modérée avec la fertilité. Pour l'éleveur, elle peut aussi représenter un outil supplémentaire en fonction de ses objectifs : favoriser la longévité et éventuellement les très longues lactations, ou au contraire favoriser des mises-bas groupées.

La relation très différente en fonction de la parité entre production laitière et longévité, et la disponibilité d'une

évaluation génétique pour les caractères de production permettant de distinguer les parités pourraient entrer également dans les éléments de réflexion pour de nouveaux objectifs de sélection.

Les corrélations seront néanmoins à réévaluer lorsque les modèles d'évaluation Fert et LONG seront stabilisés et définitivement validés.

CONCLUSION

Nous avons vu qu'il est possible d'estimer la valeur génétique des animaux pour la forme de la courbe de lactation à partir des données du contrôle laitier et des génotypages des animaux. Nous avons montré sur la base des index qu'il existe une relation positive entre persistance laitière et longévité et une relation négative entre persistance et fertilité à l'IA. Nous avons également vu que les index entre primipares et multipares pourraient être évalués séparément afin de sélectionner des animaux productifs plus longtemps. De plus amples études devraient être menées afin de mieux comprendre le déterminisme génétique de la persistance laitière. Ces résultats nous invitent à nous questionner sur les caractères à intégrer dans de futurs objectifs de sélection afin de contribuer à la durabilité des systèmes d'élevage.

Le premier auteur remercie APIS-GENE et l'ANRT pour le financement des travaux. Nous remercions Ignacy Misztal (Université de Géorgie) et Andres Legarra (INRAE) pour l'accès au programme blup90iod2.

Aguilar I., Misztal I., Johnson D. L., Legarra A., Tsuruta S., Lawlor T. J. 2010. *J. Dairy. Sci.* 2010. 93, 743–752.

Arnal M. 2019. Toulouse, Doctorat INPT,

Arnal M., Larroque H., Leclerc H., Ducrocq V., Robert-Granié C. 2020. *J. Dairy. Sci.* 2020. 103, 4517–4531.

Chanvallon A., Coyral-Castel S., De Crémoux R., Piacère A., Ribaud D. 2013. In : Rencontres autour des recherches sur les ruminants, 376

Dekkers J. C. M., Ten Hag J. H., Weersink A. 1998. *Livest Prod Sci.* 53, 237–252.

Ducrocq V. 1998 INRA SGQA, Jouy-en-Josas, France. 1998.

Gengler N. 1996. *Interbull Bulletin.* 1996. 12, 87–96.

Haiger A. 2018. *Int J Biotech & Bioeng.* 2018. 4, 5–102.

Jakobsen J. H. Er, Rekaya R., Jensen J., Sorensen D. A., Madsen P., Gianola D., Christensen L. G., Pedersen J. 2003. *J. Dairy. Sci.* 2003. 86, 3000–3007.

Knaus W. 2009. *Journal of the Science of Food and Agriculture.* 2009. 89, 1107–1114.

Martin P., Palhière I., Maroteau C., Bardou P., Canale-Tabet K., Sarry J., Woloszyn F., Bertrand-Michel J., Racke I., Besir H. 2017. *Scientific reports.* 7, 1872.

Misztal I., Tsuruta S., Strabel T., Auvray B., Druet T., Lee D. H. 2002. In : Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. 743–744.

Muir B. L., Fatehi J., Schaeffer L. R. 2004. *J. Dairy. Sci.* 2004. 87, 3029–3037.

Piacère A. 2008. *Ethnozootecnie.* 2008.85, 41–46.

Vissac B. 2002. *Quae*