EVALUATION GENETIQUE DES BOVINS LAITIERS
PRODUCTION LAITIERE – MORPHOLOGIE – CARACTERES FONCTIONNELS

Edition 20/25 Août 2026

-=-=-=-=-=-=-=-=-=-

Ce document présente le mode de calcul des index des bovins laitiers, réalisé par GenEval, à partir des données extraites par le Centre de Traitement de l'Information de Jouy-en-Josas. Pour le t2620, les performances et typages sont extraits le 15/05/2026 et pour le t2625, les typages sont extraits le 24/07/2026.

1. – PRINCIPES DES EVALUATIONS GENETIQUES 2
1.1 – UNE APPROCHE DU SINGLE-STEP 2
1.2 – DONNEES UTILISEES DANS LES EVALUATIONS GENETIQUES 2
1.3 - LE SINGLE-STEP BLUP MODELE ANIMAL. 3
1.3.1 - Généralités 3
1.3.2 – Cas particulier données discrètes 4
1.4 - BASES DE L'INDEXATION 4
2. - DESCRIPTION DES MODELES D'EVALUATION SINGLE STEP 5
2.1 - LES INDEX DE PRODUCTION LAITIERE 5
2.1.1 - LES CARACTERES INDEXES 5
2.1.2 - LE MODELE D'ANALYSE ET LES DONNEES UTILISEES 5
2.1.3 - LA PRECISION DES INDEX DE PRODUCTION LAITIERE 6
2.2 - LES INDEX FONCTIONNELS 7
2.2.1 – L'ACETONEMIE 7
2.2.2 - LES COMPTAGES CELLULAIRES (CEL) 8
2.2.3 - LES MAMMITES CLINIQUES (MACL) 9
2.2.4 - LA FERTILITE DES VACHES ET DES GENISSES (FER, FERG) 10
2.2.5 - L'INTERVALLE VELAGE PREMIERE INSEMINATION (IVIA1) 11
2.2.6 - LA LONGEVITE FONCTIONNELLE (LGF) 11
2.2.7 - LES LESIONS PODALES (LESPODALES) 12
2.2.8 - LES SYNTHESES FONCTIONNELLES 13
2.2.9 - LA PRECISION DES INDEX FONCTIONNELS 14
2.3 - AUTRES INDEX FONCTIONNELS : FACILITES ET VITALITES A LA NAISSANCE ET AU VELAGE 14
2.3.1- LES FACILITES DE NAISSANCE (NAI) ET DE VELAGE (VEL) 15
2.3.2 - LES VITALITES À LA NAISSANCE (VIN) ET AU VELAGE (VIV) 15
2.3.3 - EXPRESSION ET UTILISATION DES INDEX NAI, VEL, VIN, VIV 16
2.4 - LES INDEX DES CARACTERES DE CARCASSE 16
2.4.1 - LES VEAUX DE BOUCHERIE 16
2.4.2 - LES JEUNES BOVINS 17
2.4.3 - LES VACHES DE REFORME (VACHEREFORME) 18
2.4.4 - SYNTHESE BOUCHERE 19
2.5 - LES INDEX MORPHOLOGIQUES 20
2.6 - L'INDEX SYNTHESE UNIQUE (ISU) 21
3. – DIFFUSION DES TAUREAUX AVEC INDEX SINGLE STEP 22

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ELIANCE)
Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Elevage sous la responsabilité des Organismes de Sélection.

IDELE UMT eBis GenEval

1. – PRINCIPES DES EVALUATIONS GENETIQUES

1.1 – UNE APPROCHE DU SINGLE-STEP

Depuis l'avènement de la génomique en 2009, les évaluations génétiques bovines se déroulaient en deux temps. Dans un premier temps, une évaluation dite polygénique, via la prise en compte des performances des animaux et de leur généalogie, produisait les index dits « polygéniques ». Dans un second temps, les résultats de cette évaluation polygénique étaient utilisés en entrée de l'évaluation dite « génomique », avec prise en compte des informations de typages (informations sur les gènes portés par un animal), pour calculer les index dits « génomiques ». Cette méthode fiable, validée par la communauté scientifique, a permis de sélectionner de façon efficace les animaux dès leur plus jeune âge. Cependant, avec le développement important de la sélection génomique en bovins laitiers, il fut nécessaire de faire évoluer la méthode d'évaluation pour considérer la pré-sélection des jeunes animaux génotypés qui n'était pas prise en compte dans l'évaluation polygénique. En effet, seuls les meilleurs taureaux génotypés ont des performances quelques années plus tard, les moins bons ayant été éliminés auparavant. Au cours des années un biais s'est alors créé dans l'évaluation en deux étapes. On ne dispose pas pour l'évaluation polygénique de toutes les performances qui auraient dû exister, notamment pour les animaux les moins bons : les animaux évalués dans l'évaluation polygénique ne sont donc pas représentatifs de toute la population.

Pour corriger ce biais, une nouvelle méthode a été proposée par la communauté scientifique internationale : le Single-Step. Cette nouvelle méthode d'indexation permet d'évaluer tous les animaux, mâles et femelles, qu'ils soient génotypés ou non, dans une seule évaluation avec l'ensemble de leurs informations disponibles :

- performances collectées sur le terrain,
- données zootechniques (troupeau, date de naissance, …),
- informations génomiques provenant des typages,
- généalogies enregistrées dans le SIG (Système national d'Information Génétique).

Cette méthode permet ainsi d'optimiser la prise en compte de toutes les informations (fonctionnement en une seule étape), d'améliorer la précision des résultats et de produire une meilleure estimation du progrès génétique. En effet, la pré-sélection génomique peut maintenant être prise en compte lors de l'évaluation génétique ce qui évite de sous-estimer le progrès génétique au cours des générations. Déployée en mars 2022, cette méthode peut être appliquée sur :

- les deux filières bovines,
- toutes les races, même celles disposant de peu de génotypages,
- tous les caractères.

1.2 – DONNEES UTILISEES DANS LES EVALUATIONS GENETIQUES

Les performances utilisées sont :

- pour les femelles françaises ou veaux (pour les évaluations NAIVEL et VINVIV) : les performances brutes, issues de contrôle de performances ou de stations de collecte, par exemple.
- pour les taureaux étrangers : les index Interbull dérégressés (IDR issus d'une évaluation polygénique internationale)

Prise en compte des typages :

La prise en compte des typages dans l'évaluation génétique a révolutionné le monde de la sélection génétique. Dès 2001 avec la Sélection Assistée par Marqueurs (SAM), puis en 2010 avec le premier modèle d'évaluation génomique suivi en 2015 par le 2ème modèle, l'information apportée par les typages rend les index plus précis, plus précoces et plus fiables.

Actuellement, les évaluations se basent sur les marqueurs de la puce EuroGMD (environ 54 000 marqueurs). Ces marqueurs sont connus soit grâce au génotypage des animaux sur la puce EuroGMD, soit imputés à partir d'une puce de densité plus basse. Les puces sont régulièrement mises à jour, au fur et à mesure d'évolutions technologiques et de la prise en compte de nouveaux marqueurs spécifiques à la recherche.

Généalogie :

La généalogie des animaux est indispensable pour les évaluations génétiques. Cette donnée est récupérée pour chaque animal à chaque indexation (quand elle existe) dans une base de données nationale, le SIG (Système d'Informations Génétiques des bovins). Cet outil informatique gère l´ensemble des données nécessaires à l´évaluation génétique et à la sélection : identification,

contrôle de performances, insémination. Il regroupe donc toutes les parentés des bovins, remontées lors des déclarations de naissance des éleveurs.

Description des populations de référence :

Une population de référence est constituée d'animaux d'une même race possédant des performances, une généalogie complète (au moins 4 générations connues au SIG) et un typage valide. C'est à partir de cette population que sont établies les équations de prédiction à partir desquelles un index pourra être calculé pour un animal sans performance possédant un typage. Ces équations sont mises à jour à chaque indexation. En génomique, les populations de référence étaient constituées de mâles Français génotypés et évalués sur descendance ainsi que de femelles génotypées avec performances dans la plupart des races. S'ajoutaient également des taureaux étrangers génotypés et évalués par Interbull pour la Holstein et la Brune, grâce aux consortiums Eurogenomics (Holstein) et Intergenomics (Brune avec évaluation française depuis août 2014) et des taureaux allemands pour la race Simmental (index allemands convertis en échelle française). Depuis la bascule au SSTEP, pour toutes les races, les populations de références sont constituées de femelles génotypées avec performances ainsi que de mâles génotypés avec filles non génotypées mais avec performances. La prise en compte des taureaux étrangers avec index Interbull ou Allemands reste la même qu'en génomique.

Nombre d'animaux utilisés dans la population de référence pour le caractère LAIT au traitement 2620 :

	Abondance (12)	Brune (21)	Tarentaise (31)	Simmental (35)	Montbéliarde (46)	Normande (56)	Vosgienne (57)	Prim Holstein (66)
Total FR	17 878	14 792	9 153	9 237	422 876	133 552	3 713	816 915
Etrangers		8 581		1 267				48 155

1.3 - LE SINGLE-STEP BLUP MODELE ANIMAL.

1.3.1 - GENERALITES

Les évaluations sont désormais toutes réalisées en modèle animal. C'est-à-dire que l'index obtenu pour un caractère donné sera une prédiction de la valeur génétique vraie de l'animal.

Calculer un index, c'est prédire les effets cumulés des différents gènes qui gouvernent le caractère étudié dont un animal est porteur. Il est impossible de calculer la valeur génétique vraie d'un animal, mais sa valeur la plus probable est estimée avec une certaine précision.

Un index est donc toujours accompagné de sa précision, mesurée par le Coefficient de Détermination (CD). Il indique le degré de fiabilité accordé à l'index. Plus la valeur du CD est proche de 1 (ou de 100%), plus l'estimation de la valeur génétique est précise.

Pour se rapprocher au maximum de la valeur génétique vraie d'un animal, il faut tenir compte de tous les facteurs (effets génétiques et non génétiques) qui ont un impact sur ses performances. En effet, le potentiel génétique d'un animal s'exprimera différemment en fonction des conditions dans lesquelles l'animal se trouve, il est donc fondamental de prendre en compte son environnement et que les performances mesurées soient « corrigées » des effets du milieu.

La procédure Single-Step BLUP (Single-Step best linear unbiased prediction : meilleure prédiction linéaire non biaisée en une étape) corrige au mieux l'influence des effets de milieu identifiés et combine de façon optimale les informations issues des performances de l'animal, sa généalogie, des effets de l'environnement et des génotypages.

En effet:

- Toutes les relations de parenté sont utilisées ; les animaux apparentés, ascendants descendants ou collatéraux, apportent des informations, d'autant plus qu'ils sont plus proches parents ;
- Les mâles et les femelles sont évalués en même temps ;
- Les effets de milieu sont estimés en même temps que les valeurs génétiques ;
- Les effets des gènes portés par les animaux génotypés participent à l'estimation des autres effets ;
- La sélection laitière des vaches au cours de leur carrière et la pratique d'accouplements dirigés sont prises en considération.

Ainsi calculés les index de valeur génétique permettent la comparaison objective d'animaux quels que soient leur sexe, leur âge, leur troupeau ou leur région d'origine, ainsi que la mesure du progrès génétique réalisé.

1.3.2 – CAS PARTICULIER DONNEES DISCRETES

L'un des fondements du BLUP est que les performances étudiées soient continues et que leur répartition dans la population étudiée suive une loi Normale. Dans certains cas, les performances sont dites discrètes, et leur répartition ne suit pas une loi Normale. C'est le cas par exemple des caractères NAIVEL et VINVIV.

La spécificité de ces deux caractères est que la mesure des performances n'est pas continue (comme des kg de lait, par exemple), mais fonctionne par classe. Afin de réaliser une évaluation génétique, les notes de classes ont été transformées en scores, pour se rapprocher de l'évaluation d'un caractère continu. Par exemple, pour NAIVEL, les conditions de naissance ont été regroupées en 3 classes : vêlages faciles (1), vêlages moyens (2) et vêlages difficiles (conditions 3, 4 et 5). Ces notes sont ensuite transformées en scores, avec des scores différents selon la catégorie dans laquelle se trouve un animal.
Les catégories utilisées sont les suivantes : parité x âge au vêlage (10 classes) x sexe du veau.
L'intérêt de ces catégories est d'adapter la « valeur » d'une condition de naissance selon sa fréquence dans la catégorie concernée. Par exemple, les conditions de vêlage difficiles sont plus fréquentes chez les primipares que les vaches avec 3 vêlages. Une classe « vêlage difficile » chez une vache dans sa 3ème lactation sera donc plus pénalisante (score plus haut) que chez une primipare (score plus bas). On se ramène ainsi à un équivalent de distribution Normale des scores, on parle de loi Normale sous-jacente.

1.4 - BASES DE L'INDEXATION

L'index d'un animal mesure son niveau génétique par rapport à une population. L'index moyen de cette population de référence est par convention égal à 0. Pour faciliter l'appréciation des reproducteurs actuels, les index sont exprimés relativement à une "base mobile" c'est-à-dire en écart à un groupe d'animaux récents changeant chaque année, servant de référence.

Les bases mobiles successives peuvent être comparées grâce à une base fixe constante dans le temps pour la race.

Les bases mobiles de l'année N regroupent les vaches de la race nées durant les années N-8 à N-6 ayant :

- deux parents connus,
- une lactation contrôlée ou un pointage,
- un CD>=0.30 pour les caractères dont l'index est publié pour les vaches.

Pour les facilités de naissance ou de vêlage et les vitalités à la naissance ou au vêlage depuis 2014, l'indexation est faite en base fixe, regroupant les taureaux nés de 2002 à 2005.

Spécificité pour la race Pie-rouge :

Depuis mars 2017 la Pie-rouge est indexée avec la race Prim'Holstein dans toutes les évaluations françaises et internationales. A l'issue des évaluations, les animaux des deux rameaux sont directement comparables. Cependant, en pratique, chaque rameau dispose de sa propre base pour l'expression des index.

Les index des mâles sont exprimés dans les bases des deux rameaux. Par contre, les index des femelles sont diffusés dans un seul rameau, sur la base de leur code racial. La base pie rouge comprend des femelles de code racial 19 ou 87. La base Prim'Holstein comprend des femelles de code racial 66 qu'elles soient phénotypiquement noires ou rouges. La colonne « de PH à PR » des tableaux ci-dessous donne la différence entre la base PH et la base PR pour chaque caractère, et permet de passer d'une base à l'autre. C'est aussi la valeur à ajouter à un index en base PH pour l'exprimer en base PR.

Les différences de bases entre les rameaux en avril 2026 sont :

	Cel	Macl	Fer	Ferg	Ivia1	Repro	Lgf	Milk	Prot	Fat	Prot ‰	Fat ‰	INEL
De PH à PR	+0,03	-0,33	-0,52	+0,07	-0,50	-0,43	-0,16	+845.41	+14,6	+12,78	-1.54	-2.75	+13,43

	MO	AH	AA	TE	LP	AC	LO	PC	IS	PI	MR	TR	PS	PJ
De PH à PR*	/	1.07	0,35	0.01	0,69	0,67	0,12	1.07	0,75	0,33	0,24	0,13	0,81	0,66
	EQ	EA	IA	LT	HS	IB	AJ	MA	CC	ME	EC			
	0,29	0,33	0,51	-0,02	1,17	-0.01	-0,27	/	/	/	-0,68			

**NB: MO MA CC et ME ont des définitions différentes pour la PH et la PR (Partie 2.5 - LES INDEX MORPHOLOGIQUES)*

2. - DESCRIPTION DES MODELES D'EVALUATION SINGLE STEP

Un tableau récapitulatif des évaluations réalisées par GenEval est disponible en Annexe 1.

2.1 - LES INDEX DE PRODUCTION LAITIERE

2.1.1 - LES CARACTERES INDEXES

Les caractères indexés sont :

- la quantité de matières protéiques (kg) ;
- la quantité de matières grasses (kg) ;
- la quantité de lait (kg) ;
- le taux protéique vrai en g/kg, inférieur de 5 % au taux azoté dénommé "% protéines" à l'étranger ;
- le taux butyreux en g/kg ;
- l'INEL.

L'INEL, index de sélection laitière, maximise la marge nette hors travail de l'atelier laitier. Établi avec une contrainte de coûts constants, en l'absence d'activités de substitution, il est défini **pour toutes les races laitières** comme :

$$\mathbf{INEL = 0{,}98\ (MP + 0{,}2\ MG + TP + 0{,}5\ TB)}$$

2.1.2 - LE MODELE D'ANALYSE ET LES DONNEES UTILISEES

Données et paramètres génétiques

Le modèle animal décrit les facteurs de variation de la lactation en distinguant la valeur génétique transmissible à estimer, et les facteurs de milieu dont l'effet doit être éliminé. L'index d'un animal découle de ses lactations pour une femelle, et de ses relations de parenté avec les autres animaux mâles ou femelles de la population.

Pour estimer la valeur génétique d'un animal, on tient compte des 5 premières lactations de ses filles (lactations commencées depuis au moins 90 jours, lactations en cours d'au moins 60 jours au moment de l'extraction). Les lactations de rang 1 dépassant 180 jours ou terminées ont un poids de 1 contre 0,8 à celles de rangs 2 et plus. En effet ces dernières sont moins héritables et ne correspondent pas exactement au même caractère qu'en 1ère lactation.

À chaque traitement, l'ensemble des généalogies et des lactations de rang 1 à 10 des vaches dont le 1èr vêlage est postérieur au 01/09/79 sont exploitées dans les évaluations pour toutes les races, sauf pour la Prim Holstein et la Pie Rouge où le nombre de lactations est limité à 5. L'héritabilité (la part génétiquement transmissible des différences entre animaux) et la répétabilité (le degré de ressemblance entre deux lactations d'une même vache) sont supposées égales à 30 % et 50 % pour les quantités de matières, et à 50 % et 70% pour les taux.

Tableau des écarts-types génétiques et héritabilité (h^2) pour les index de production laitières – races internationales

	Pie Rouge (19)	Brune (21)	Montbéliarde (46)	Normande (56)	Prim Holstein (66)	H^2
LAIT	759	709	661	591	759	0,3
QMG	31	30	27	27	31	0,3
QMP	23	23	21	20	23	0,3
TB	3,0	2,8	2,4	2,7	3,0	0,5
TP	1,5	1,5	1,4	1,5	1,5	0,5

Tableau des écarts-types génétiques et héritabilité (h^2) pour les index de production laitières – races nationales avec Single-Step

	Abondance (12)	Tarentaise (31)	Simmental (35)	Vosgienne (57)	H^2
LAIT	537	481	644	362	0,3
QMG	26	26	27	26	0,3
QMP	20	20	21	20	0,3
TB	2,8	2,8	2,9	2,8	0,5
TP	1,4	1,4	1,4	1,4	0,5

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ELIANCE)
Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Elevage sous la responsabilité des Organismes de Sélection.

IDELE UMT eBis GenEval

Tableau des écarts-types génétiques et héritabilité (h^2) pour les index de production laitières – races nationales sans Single-Step

	Salers (23)	Bretonne Pie Noire (29)	Bleue du Nord (52)	Rouge Flammande (63)	H^2
LAIT	605	605	605	605	0,3
QMG	26	26	26	26	0,3
QMP	20	20	20	20	0,3
TB	2,8	2,8	2,8	2,8	0,5
TP	1,4	1,4	1,4	1,4	0,5

NB : Les unités sont précisées ci-dessus (partie 2.1.1 - LES CARACTERES INDEXES)

Modèle d'analyse

Les lactations sont soit extrapolées (lactations en cours ; lactations terminées de rang >=2 et de durée inférieure à 305 jours), soit corrigées pour la durée. Une correction pour le rang de lactation standardise la variabilité et les transforme en lactations d'adultes.
Les effets non additifs liés au croisement, à l'hétérosis et aux pertes de recombinaison sont précorrigés.

Cette performance est ensuite expliquée par quatre groupes de facteurs :

- la valeur génétique de l'animal ;
- la valeur de l'animal non transmissible ou "Effet d'environnement permanent" résultant d'effets non identifiés propres à l'animal et se répétant d'une lactation à l'autre. L'effet d'environnement permanent permet de tenir compte de la sélection conduisant à la réforme des vaches les moins productives ;
- les effets de milieu identifiés détaillés ci-dessous ;
- un résidu inexpliqué.

Les effets de milieu sont :

- le milieu du troupeau, par campagne ;
- le rang de lactation par région et par campagne ;
- le mois de vêlage par rang de lactation, région et campagne ;
- l'âge au vêlage par rang de lactation, par région et par campagne ;
- la durée de tarissement précédent pour les lactations de rang 2 et plus, par région et par campagne.

L'hétérogénéité des variances, c'est-à-dire la variabilité des productions selon les années, les régions et les troupeaux, est corrigée dans l'évaluation génétique. On considère qu'un écart de valeur génétique entre deux animaux se traduit par un écart de performances différent selon l'environnement où ils produisent. Cet environnement est caractérisé par sa variance résiduelle, calculée par troupeau et par campagne, avec deux composantes : l'une propre à la région et l'autre propre au troupeau pour la campagne considérée. Finalement la contribution d'une performance à l'index est la lactation corrigée pour les effets de milieu et ajustée pour l'écart-type résiduel associés au troupeau et à la campagne de la performance. Les index traduisent l'expression des valeurs génétiques dans un milieu dont la variabilité est celle de la campagne 1995.

Du fait de leur estimation simultanée, une répartition inégale des filles des taureaux selon les troupeaux, les rangs de lactation sera prise en considération au mieux.

2.1.3 - LA PRECISION DES INDEX DE PRODUCTION LAITIERE

Bien que tous ses apparentés interviennent dans l'évaluation d'un taureau, son index peut être décomposé en deux contributions correspondant à deux sources d'information distinctes :

- l'ascendance via la demi somme des index des parents ;
- la descendance définie comme deux fois la supériorité moyenne des fils et des filles après correction pour la valeur de leur mère.

En moyenne, la moitié de la supériorité génétique d'un taureau sera exprimée par ses filles dans leurs lactations.

À l'index qui traduit la supériorité génétique probable est associée une précision donnée par le coefficient de détermination (CD) qui détermine une fourchette d'incertitude de l'index.

Exemple de calcul d'intervalle de confiance des index laitiers (au risque 10%)

CD	LAIT	QMG	QMP	TB*	TP*
0,5	770	32	25	2,8	1,6
0,6	689	28	22	2,5	1,5
0,7	596	24	19	2,2	1,3
0,8	487	20	15	1,8	1,0
0,9	344	14	11	1,3	0,7
0,95	244	10	8	0,9	0,5

**les CD des index taux ne sont pas publiés ; des paramètres génétiques moyens sont utilisés*

Interprétation : la valeur génétique vraie d'un taureau indexé à + 1 000kg de lait avec un CD de 0.70 se situe entre + 404kg (1 000 - 596) et + 1 596kg (1 000 + 596) dans 90% des cas. Sa valeur la plus probable est + 1000. 5 fois sur 100 elle sera inférieure à + 404kg, et 5 fois sur 100 elle sera supérieure à + 1 596kg.

Les index de production sont officiels si CD est ≥ 0,50 et si le taureau a au moins des filles dans 10 troupeaux (règle d'Interbull).

2.2 - LES INDEX FONCTIONNELS

Jusqu'à la mise en place de l'évaluation Single-Step, les index fonctionnels, qui pour la plupart ont une héritabilité faible à très faible, étaient produits grâce à une évaluation multicaractères, dite « combinée ». Le principe de cette évaluation est que chaque caractère est évalué via une évaluation polygénique afin d'être corrigé des effets d'environnement, puis les sorties des évaluations polygéniques (sous la forme de performances corrigées des effets de l'environnement) ne soient ensuite évaluées ensemble, au sein d'une évaluation multicaractères polygénique. L'intérêt de ce système est de prendre en compte les informations que chaque caractère peut apporter aux autres, lorsqu'ils partagent une part de leur variabilité génétique. On mesure cette part grâce aux corrélations génétiques.
Une évaluation combinée Single-Step devrait voir le jour d'ici 2025. Dans l'intervalle, une méthode alternative a été mise en place, afin de réaliser des combinés polygéniques issus des performances corrigées issues de l'évaluation Single-Step. Afin de tirer au mieux parti des informations issues de l'évaluation Single-Step, pour chaque caractère de morphologie les animaux génotypés ou disposant de performances (propres ou par descendance) disposent d'un index issu de l'évaluation Single-Step unicaractère et les autres index sont tirés de l'évaluation combinée.

2.2.1 – L'ACETONEMIE

Données et caractères évalués

Les performances prises en compte sont issues de mesures moyen infra-rouge (MIR) réalisées sur le lait, par les entreprises du contrôle laitier. L'évaluation sur la sensibilité des femelles à l'acétonémie subclinique a été mise en place pour les races Normande (56) et Holstein (66).

Modèle et paramètres génétiques

Pour les deux races, le modèle et la méthode utilisés sont identiques. Les valeurs génétiques ont été estimées en utilisant la méthodologie Single-Step selon un modèle animal uni-caractère avec prise en compte de groupes de parents inconnus.
Les effets environnementaux influençant la résistance des vaches sont :

- Classe d'âge au 1er vêlage pour les primipares ou classe de durée de tarissement précédent la lactation pour les multipares
- Laboratoire x campagne de lactation
- Stade de lactation x rang de lactation
- Groupe de contemporaines (cheptel x campagne de lactation)
- Période de mesure (campagne x mois de mesure)

L'évaluation produit des index de résistance à l'acétonémie des vaches laitières.

Les paramètres génétiques ont été évaluées dans le cadre du programme Génosanté, initialement porté par Evolution (Synetics), en collaboration avec les acteurs de la filière bovine en amont et en aval. L'héritabilité des deux caractères est modérée et ils sont très fortement corrélés entre eux.

Tableau des paramètres génétiques des dosages de corps cétoniques dans le lait estimés pour les deux races (corrélations génétiques au-dessus de la diagonale et héritabilité dans la diagonale)

		Log (Dosace)	Log (Dosbhb)
NOR	Log (Dosace)	0.16	0.89
	Log (Dosbhb)		0.15
HOL	Log (Dosace)	0.10	0.85
	Log (Dosbhb)		0.12

Avec Dosace : Dosage de l'acétone et Dosbhb : dosage du BHB (béta-hydroxybutyrate)

2.2.2 - LES COMPTAGES CELLULAIRES (CEL)

L'objectif est d'améliorer la qualité du lait et la résistance aux mammites par une sélection indirecte sur les comptages cellulaires.

Données et paramètres génétiques

Les comptages cellulaires (CCS = comptages de cellules somatiques) sont connus exhaustivement depuis 1994 et partiellement depuis 1990. Le calcul intègre tous les CCS entre 5 et 450 jours de lactation pour les lactations 1 à 3 ayant débuté après le 01/09/1989.

La performance par lactation est construite ainsi :

① Transformation des CCS en un score de cellules somatiques (SCS) pour avoir une distribution normale :

$$SCS = \log_2\left(\frac{CCS}{100000}\right) + 3$$

CCS	SCS		CCS	SCS
12.500	0		400.000	5
25.000	1		800.000	6
50.000	2		1.600.000	7
100.000	3		...etc.	...
200.000	4			

② Correction additive du SCS pour le stade et le rang de lactation. Elle permet l'utilisation des lactations anciennes avec quelques comptages et des lactations en cours. L'ajustement est calculé à partir des lactations saines (SCS moyen < 4).

③ Moyenne pondérée des SCS corrigés d'une lactation : $SCSL = \frac{\sum \frac{R}{\sigma}[SCS\ corrigé]}{\sum \frac{R}{\sigma}}$

R est la corrélation des SCS à ce stade et rang de lactation avec la moyenne des autres SCS des lactations de même rang et σ traduit la variabilité des SCS à ce stade et rang de lactation.

④ Les SCSL sont transformés pour avoir une variabilité comparable entre rangs de lactation (SCSL *1,15 en L1 ; SCSL *1,08 en L2 ; SCSL *1 en L3).

Tableau des écarts-types génétiques et héritabilité (h²) pour l'index cellules

	ETG	H²
CEL	0.5	0,15

** Ces valeurs sont valables pour toutes les races en bovin lait*

Modèle et paramètres génétiques

Une procédure Single-Step BLUP modèle animal est utilisée.

Chaque lactation a un poids en fonction du nombre de CCS connus. Un minimum de 5 CCS est nécessaire pour obtenir un poids de 1. Les effets dans le modèle d'analyse sont les mêmes que pour la production laitière, sans considération des hétérogénéités

de variance. L'héritabilité du caractère est de 15 %, sa répétabilité est de 35 % et son écart-type génétique est de 0.5 SCSL. A noter qu'1 point d'index correspond à1 ETG (index centrés sur 0 avec un ETG de 1).

Une illustration est donnée avec les comptages cellulaires observés en première lactation. Les taureaux sont classés en 9 catégories selon la valeur de leur index CEL. Les troupeaux sont regroupés en 3 catégories correspondant à des niveaux cellulaires bas, moyens ou élevés d'après les effets troupeau*année du modèle d'évaluation génétique ; ces catégories représentent 25, 50 et 25 % des troupeaux.

Traduction de l'index CEL des taureaux en performances de leurs filles : Pourcentage de contrôles à plus de 300 000 cellules/ml en première lactation en fonction de la classe d'index des pères (race PH)

	Valeur des index des pères							
Niveau cellulaire du troupeau	< à -1,7	-1,7 à -1,3	-1,2 à -0,8	-0,7 à -0,3	-0,2 à +0,2	+0,3 à +0,8	+0,9 à +1,2	>= à +1,3
Excellent	6,9 %	4,9 %	4,4 %	4,5 %	3,6 %	3,0 %	3,0 %	2,9 %
Moyen	16,4 %	14,0 %	12,0 %	11,5 %	9,7 %	8,1 %	6,9 %	6,3 %
Mauvais	29,0 %	25,3 %	22,5 %	20,9 %	18,3 %	15,6 %	13,4 %	12,5 %

Traduction de l'index CEL des taureaux en performances de leurs filles : Pourcentage de contrôles à plus de 300 000 cellules/ml en première lactation en fonction de la classe d'index des pères (race MON)

	Valeur des index des pères						
Niveau cellulaire du troupeau	< à -1,7	-1,7 à -1,3	-1,2 à -0,8	-0,7 à -0,3	-0,2 à +0,2	+0,3 à +0,8	>= +0,9
Excellent	12,6 %	6,6 %	6,5 %	5,7 %	4,7 %	4,4 %	3,3 %
Moyen	19,5 %	15,0 %	12,7 %	11,9 %	9,3 %	9,4 %	6,3 %
Mauvais	31,6 %	28,4 %	25,0 %	22,0 %	18,1 %	19,2 %	13,5 %

Traduction de l'index CEL des taureaux en performances de leurs filles : Pourcentage de contrôles à plus de 300 000 cellules/ml en première lactation en fonction de la classe d'index des pères (race NOR)

	Valeur des index des pères								
Niveau cellulaire du troupeau	< à -1,7	-1,7 à -1,3	-1,2 à -0,8	-0,7 à -0,3	-0,2 à +0,2	+0,3 à +0,8	0,9 à 1,2	1,3 à 1,8	> à 1.8
Excellent	8,3 %	6,3 %	6,1 %	4,7 %	4,6 %	4,1 %	3,5 %	2,4 %	0,0 %
Moyen	16,8 %	17,1 %	12,2 %	11,3 %	9,7 %	8,6 %	7,4 %	6,9 %	2,2 %
Mauvais	29,2 %	28,5 %	22,5 %	21,3 %	17,6 %	16,0 %	14,4 %	13,5 %	12,2 %

2.2.3 - LES MAMMITES CLINIQUES (MACL)

Définition du caractère et sélection des données

L'information est de type 0/1 et elle est relevée par l'agent du contrôle laitier. Elle concerne les trois premières lactations et se résume ainsi : « au moins un évènement mammite clinique enregistré durant les 150 premiers jours de la lactation ». Pour la fiabilité de l'évaluation, il faut être certain qu'une vache notée « 0 = pas de mammites cliniques » est une vache saine et non pas un animal non contrôlé.
Pour ce faire, une sélection des données est nécessaire. Les données sont prises en compte depuis 1997 ; une sélection des lactations par troupeau*campagne est faite : sont conservés les cheptels qui déclarent par campagne un minimum de 5 % de lactations avec un évènement mammite (toutes lactations confondues, avec des adaptations pour l'effectif du troupeau). Ce critère est responsable de la majorité des éliminations de données.

Modèle et paramètres génétiques

L'évaluation est de type Single-Step BLUP modèle animal avec effet d'environnement permanent (pour tenir compte de la répétabilité des performances). Les effets de milieu sont :

- le mois de vêlage par campagne;
- le troupeau par campagne;
- la classe d'âge au vêlage pour un rang de lactation et une campagne donnés.

Le modèle considère l'hétérogénéité des variances pour les effets suivants :

- le rang de lactation par campagne;
- le département par campagne.

Ceci parce qu'un écart de valeur génétique entre animaux va se traduire par un écart de performances différent selon le rang de lactation, selon le département et selon l'année considérée.

Tableau des écarts-types génétiques et héritabilité (h^2) pour l'index mammites

Race	h^2 %	Répétabilité %	Ecart-type génétique %
Prim'Holstein, Brune	1,7	5,5	4,12
Montbéliarde, Tarentaise	2,3	5,5	4,36
Normande	2,1	6,2	4,70
Simmental	2,3	5,5	3,57
Abondance	2,3	5,5	2,64

2.2.4 - LA FERTILITE DES VACHES ET DES GENISSES (FER, FERG)

L'objectif est d'évaluer la fertilité post-partum des filles des taureaux. L'index ne décrit pas la fécondance de la semence.

Données

La performance est le résultat (oui/non) de chaque I.A. réalisée depuis septembre 1995 dans les élevages au contrôle laitier. Pour celles intervenues six mois au moins avant l'indexation, les règles de détermination de l'I.A. fécondante sont :

- en présence d'un vêlage postérieur, l'IA fécondante est celle la plus en accord avec la durée de gestation de la race.
- en l'absence de vêlage postérieur, le statut de la dernière I.A est déterminé selon la première des règles auxquelles elle répond :

    - non fécondante, si l'IA est suivie d'un mouvement IPG avec une cause de sortie signalant la fin de la carrière (boucherie, mort, autoconsommation);
    - fécondante si l'IA est suivie d'un mouvement IPG (Identification Pérenne et Généralisée) avec une cause de sortie signalant la poursuite de l'élevage (élevage ou vente ; prêt ou pension) ;
    - fécondante si l'IA est récente (moins de 340 jours) ; on lui affecte alors une probabilité de gestation compte tenu de l'ancienneté de l'IA, du statut (nullipare ou non), de la race et du rang de l'IA. Cette probabilité est proche de 1 puisque les IA de moins de six mois ne sont pas utilisées.
    - fécondante si l'IA est ancienne (plus de 340 jours) et faite sur une vache avec une lactation inférieure ou égale à 260 jours ;
    - non fécondante si l'IA est ancienne (plus de 340 jours) et faite sur une vache avec une lactation supérieure à 260 jours.

Les autres IA d'une même séquence sont déclarées non fécondantes si elles sont antérieures, et éliminées si elles sont postérieures. Si dans une séquence aucune IA n'est fécondante, toutes les IA sont considérées comme non fécondantes ; et lorsque deux IA sont proches de 3 jours au plus, l'une d'elles est éliminée.
L'indexation concerne les génisses et les vaches jusqu'en 3ème lactation pour leurs trois premières IA dans chaque séquence.

Depuis la 1ère évaluation de 2016, les inséminations par l'éleveur sont prises en compte par un effet inséminateur particulier. On définit un inséminateur fictif regroupant toutes les IA faites par les éleveurs IPE (IA Par Eleveur) dans un département pendant une année.

Modèle et paramètres génétiques

Le déterminisme de la fertilité femelle est différent entre nullipares et vaches. Par suite deux caractères différents dont l'héritabilité est 2 % sont considérés. Leur répétabilité et leur écart-type génétique sont fixés à 5% et 7% respectivement. Deux autres caractères sont évalués officieusement et interviendront aussi comme prédicteurs, les taux de non-retour des vaches (TNRV) et des génisses (TNRG) entre 18 et 56 jours.

Les effets pris en compte sont, outre l'effet génétique de l'animal :

- le troupeau et l'inséminateur, par année ;
- le rang de vêlage précédant l'IA ;
- le mois d'insémination et le jour dans la semaine, par année et région ;
- l'intervalle vêlage - I.A. des vaches ou l'âge à l'insémination des nullipares, par année;
- les taux de consanguinité de la mère et de son veau ;

- la race du taureau faisant l'insémination ;
- l'effet fécondant du taureau pour l'année (effet aléatoire) ;
- l'effet d'environnement permanent de la femelle (effet aléatoire) ;
- l'effet de la semence sexée par taureau et campagne (effet aléatoire).

2.2.5 - L'INTERVALLE VELAGE PREMIERE INSEMINATION (IVIA1)

Cet intervalle traduit l'aptitude génétique au retour en cyclicité post-partum, même s'il dépend aussi des décisions de mise à la reproduction. Le caractère indexé est l'intervalle en jours pour les vaches jusqu'en 3ème lactation. Le modèle d'indexation est aussi un modèle animal uni-caractère avec effet d'environnement permanent où interviennent les effets fixes suivants :

- le troupeau par année
- le mois de vêlage par année et par région
- l'âge au vêlage
- le rang du vêlage précédant l'IA

L'héritabilité du caractère est de 3% à 6% et la répétabilité est voisine de 10%.

Tableau des écarts-types génétiques et héritabilité (h^2) pour l'index IVIA1

	h^2 %	Répétabilité %	Ect génétique (jours)
Montbéliarde et autres races	3,7	8,8	5
Normande	3,4	8,1	5
Prim'Holstein	6,1	12,2	7,75

2.2.6 - LA LONGEVITE FONCTIONNELLE (LGF)

Une réforme est considérée comme volontaire si l'animal est éliminé à cause d'une faible production. L'objectif est de retarder la réforme involontaire, c'est à dire d'améliorer l'aptitude des filles d'un taureau à avoir une longue carrière indépendamment de leur production.

L'évaluation de la longévité est la seule qui est encore réalisée en 2 étapes : une évaluation polygénique BLUP modèle père-grand-père maternel pour la préparation des données puis une évaluation Single-Step qui utilise les performances pré-corrigées issues de l'évaluation polygénique comme performances d'entrée.

Les données utilisées sont les lactations 1 à 5, débutant après le 01/01/1988 avec le calcul de la durée de vie productive (DVP : de la date du 1er vêlage jusqu'au dernier contrôle connu) pour les vaches nées d'IA dans des troupeaux comportant au moins 5 vaches de la race.

Deux types d'observations existent au moment du constat de la DVP :

- les observations non censurées **:** l'animal est considéré comme réformé, aucun contrôle n'a eu lieu depuis plus de 5 mois ;
- les observations censurées **:** l'animal est considéré comme vivant. C'est le cas quand un contrôle laitier est survenu au cours des 5 mois précédant la préparation des données, quand l'animal a disparu en même temps qu'une réduction d'au moins 50 % de l'effectif du cheptel, quand l'animal a changé de troupeau, ou quand il manque une lactation dans la séquence des 5 premières. Selon la race, 25 à 36% des données sont censurées et environ 5% sont tronquées (données enregistrées avant le 1er janvier 1988).

Les données censurées et non censurées sont traitées par une méthode d'analyse de survie, utilisant la notion de "risque de réforme", soit la probabilité d'un animal d'être reformé à un instant t, sachant qu'il est présent dans le troupeau la veille.

Le modèle père-grand-père maternel qui décrit ce risque de réforme d'une vache un jour donné est le produit :

- D'un risque de base qui traduit le vieillissement des animaux avec l'âge. Il est établi par rang de lactation (1 à 5) et par stade de lactation (de 0 à 270j, 270 à 380j, après 380j) ;
- De l'exponentielle de la somme des effets suivants :
  - Le troupeau par année et trimestre pour prendre en compte l'évolution du risque de réforme intra-élevage ;
  - L'effet de la région par année ;
  - L'âge au 1er vêlage par classes de mois ;

- La classe de variation de la taille du troupeau par année ;
- Les effets génétiques du père et du grand-père maternel de la vache ;
- L'année de naissance de la mère de la vache ;
- L'appartenance de l'animal à des classes de :
    - Production laitière intra troupeau, par trimestre et par année (10 classes en distinguant les primipares des multipares) ;
    - TP intra troupeau, par année (idem à la production laitière) ;
    - TB intra troupeau, par année (idem à la production laitière).

Ces trois effets permettent d'identifier la longévité fonctionnelle, non liée à des réformes volontaires sur le niveau de production laitière.

Les sorties de cette évaluation (performances corrigées des effets de milieu) sont ensuite utilisées en entrée d'une évaluation Single-Step intégrant l'ensemble des génotypages disponibles et prenant en compte uniquement un effet « année de naissance » pour calculer les index Single-Step qui sont diffusés.

L'héritabilité théorique maximale du caractère est de 12,6 % pour la Prim'Holstein. L'héritabilité réelle, à cause des observations censurées des animaux encore en vie, est nettement plus faible.

2.2.7 - LES LESIONS PODALES (LESPODALES)

Définition du caractère et sélection des données

L'évaluation génétique de la résistance aux lésions podales est proposée depuis l'été 2023. Cette évaluation produit des index de résistance aux lésions podales.

Les performances prises en compte sont issues de notations effectuées par des pareurs lors de leur passage en élevage, spécifiquement formés pour le phénotypage de ces caractères.

Les animaux considérés et présentant une performance sont :
- Des femelles nées après 2000, avec des parents connus, ayant déjà vêlé
- Ayant au moins une performance laitière,
- Dont les 2 pattes arrière sont parées, par le même pareur, lors d'une même visite

D'autres filtres de qualité de données sont appliqués afin d'assurer la pertinence des données prises en compte.

Modèles et méthodes

Les valeurs génétiques ont été estimées en utilisant la méthodologie Single-Step selon un modèle animal multi-caractère avec prise en compte de groupes de parents inconnus.

Les effets environnementaux influençant les lésions podales sont :
- Le groupe de contemporains (élevage*date de parage)
- L'élevage*année de parage
- Le pareur*année de parage
- Le mois de vêlage*année de parage
- Le rang de lactation*année de parage*stade de lactation
- L'âge au vêlage*année de parage

Le seuil de CD minimal pour autoriser la publication a été fixé à 0,30.

Tableau de l'héritabilité (h^2) pour l'index Lésions Podales

Race	h^2
Normande	0,082
Prim'Holstein	0,080

Les synthèses sont les suivantes :

Normande STPI = 0,60 SLI + 0,40 SLM, avec :

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ELIANCE)

Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Elevage sous la responsabilité des Organismes de Sélection.

IDELE UMT eBis GenEval

SLI = 0,60 DER + 0,30 LM + 0,10 ER
SLM = 0,40 US + 0,25 OBL+ 0,25 NP + 0,05 BLC + 0,05 BLD

Holstein STPI = 0,60 SLI + 0,40 SLM, avec :
SLI = 0,60 DER + 0,30 LM + 0,10 ER
SLM = 0,40 US + 0,40 OBL+ 0,10 BLC + 0,10 BLD

Avec :
STPI Santé du Pied
SLI Synthèse Lésions Infectieuses
SLM Synthèse Lésions Mécaniques
DER Dermatite digitée
LM Limace
ER Erosion corne talon
OLB Ouverture ligne blanche
US Ulcère de la sole
BLC Bleime circonscrite
BLD Bleime diffuse
RO Rotation de l'onglon
NP Nécrose de la pince

2.2.8 - LES SYNTHESES FONCTIONNELLES

Deux synthèses fonctionnelles sont définies, la santé de la mamelle (STMA) et la reproduction (REPRO) :

	SYNTHESES FONCTIONNELLES STMA
Abondance (12)	**STMA = (0,50 * CEL + 0, 50 * MACL) / 0,9100**
Brune (21)	**STMA = (0,60 * CEL + 0, 40 * MACL) / 0,9136**
Tarentaise (31)	**STMA = (0,60 * CEL + 0, 40 * MACL) / 0,9136**
Simmental (35)	**STMA = (0,60 * CEL + 0, 40 * MACL) / 0,9136**
Montbéliarde (46)	**STMA = (0,69 * CEL + 0, 31 * MACL) /0,9599**
Normande (56)	**STMA = (0,60 * CEL + 0, 40 * MACL) / 0,9000**
Prim Holstein (66)	**STMA = (0,60 * CEL + 0, 40 * MACL) / 0,9136**

	SYNTHESES FONCTIONNELLES REPRO
Abondance (12)	**REPRO = (0,50 * FERV + 0,25 * FERG + 0,25 * IVIA) / 0,6995**
Brune (21)	**REPRO = (0,50 * FERV + 0,25 * FERG + 0,25 * IVIA) / 0,6995**
Tarentaise (31)	**REPRO = (0,50 * FERV + 0,10 * FERG + 0,40 * IVIA) /0,6284**
Simmental (35)	**REPRO = (0,50 * FERV + 0,25 * FERG + 0,25 * IVIA) / 0,6995**
Montbéliarde (46)	**REPRO = (0,46 * FERV + 0,28 * FERG + 0,26 * IVIA) / 0,6300**
Normande (56)	**REPRO = (0,52 * FERV + 0,30 * FERG + 0,18 * IVIA) / 0,7300**
Prim Holstein (66)	**REPRO = (0,40 * FERV + 0,35 * FERG + 0,25 * IVIA) / 0,6579**

En l'absence de l'index issu directement de l'évaluation Single-Step, la valeur de l'index combiné correspondant est prise en compte.

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ELIANCE)
Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Elevage sous la responsabilité des Organismes de Sélection.

IDELE UMT eBis GenEval

2.2.9 - LA PRECISION DES INDEX FONCTIONNELS

Les index fonctionnels sont exprimés en base mobile de valeur 0, en unités d'écart-type génétique de valeur 1, et sont sauf exception compris entre -3 et +3. Un index positif est améliorateur du caractère (comptages cellulaires bas, moins de mammites cliniques, meilleure fertilité, IVIA1 plus court et longévité accrue). Ils sont publiés si leur CD atteint 0,50.

Intervalle de confiance des index fonctionnels (risque 10% d'être hors fourchette)

CD	Index fonctionnels
0,35	+/- 1,3
0,40	+/- 1,3
0,50	+/- 1,2
0,60	+/- 1,0
0,70	+/- 0,9
0,80	+/- 0,7
0,90	+/- 0,5

Interprétation : la valeur génétique vraie d'un taureau indexé à +1,0 avec un CD de 0,70 se situe entre +0,1 (1,0 – 0,9) et +1,9 (1,0 + 0,9) dans 90% des cas. Sa valeur la plus probable est +1,0. 5 fois sur 100 elle sera inférieure à +0,1 ; et 5 fois sur 100 elle sera supérieure à +1,9.

Retrouvez les tableaux de corrélations génétiques entre caractères fonctionnels, morphologiques et laitiers en annexe :

ANNEXE 1a: Corrélations génétiques entre caractères fonctionnels, morphologiques et laitiers de la race Abondance (12)

ANNEXE 1b: Corrélations génétiques entre caractères fonctionnels, morphologiques et laitiers de la race Brune (21)

ANNEXE 1c: Corrélations génétiques entre caractères fonctionnels, morphologiques et laitiers de la race Tarentaise (31)

ANNEXE 1d: Corrélations génétiques entre caractères fonctionnels, morphologiques et laitiers de la race Simmental (35)

ANNEXE 1e: Corrélations génétiques entre caractères fonctionnels, morphologiques et laitiers de la race Montbéliarde (46)

ANNEXE 1f: Corrélations génétiques entre caractères fonctionnels, morphologiques et laitiers de la race Normande (56)

ANNEXE 1g: Corrélations génétiques entre caractères fonctionnels, morphologiques et laitiers de la race Prim Holstein (66)

2.3 - AUTRES INDEX FONCTIONNELS : FACILITES ET VITALITES A LA NAISSANCE ET AU VELAGE

Les évaluations NAIVEL et VINVIV reposaient jusqu'en 2022 sur un modèle à seuil père/grand-père maternel, qui utilisait l'information génétique de la voie mâle.

L'évaluation génétique NAIVEL évaluait ainsi les taureaux sur la facilité de naissance (NAI) de leurs descendants et la facilité de vêlage (VEL) de leurs filles. Le caractère « facilité de naissance » correspondait à la condition de vêlage notée entre 1 (facile) et 5. L'évaluation génétique VINVIV des taureaux estimait la vitalité à la naissance de leurs descendants (VIN) et la vitalité du veau au vêlage de leurs filles (VIV). Le caractère de vitalité correspondait au statut du veau (vivant/mort) 48 heures après sa naissance.

L'utilisation du logiciel Single Step étant incompatible avec un modèle à seuil (données discrètes), le modèle pour les évaluations NAIVEL et VINVIV a donc évolué pour un modèle linéaire. Les performances brutes sont donc transformées en données adaptées à ce nouveau modèle.

En parallèle, le passage au modèle « animal » permet la valorisation de toute l'information du pedigree, apportant ainsi un gain de précision. L'évaluation génétique NAIVEL en modèle animal évalue ainsi les animaux sur leur facilité à naître (NAI). Elle permet également d'évaluer les femelles sur leur facilité de vêlage et les mâles sur celle de leurs descendantes (VEL). L'évaluation génétique VINVIV en modèle animal évalue la vitalité à la naissance des animaux (VIN). Elle permet d'évaluer également les femelles sur la vitalité de leur veau au vêlage et pour les mâles sur la vitalité des veaux de leurs descendantes (VIV).

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ELIANCE)
Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Elevage sous la responsabilité des Organismes de Sélection.

IDELE UMT eBis GenEval

2.3.1- LES FACILITES DE NAISSANCE (NAI) ET DE VELAGE (VEL)

L'objectif est d'évaluer les conditions de naissance des veaux (NAI) et les conditions de vêlage des femelles et de leurs descendants (VEL), afin d'éviter des accouplements à risques sur des génisses.

Données, modèle et paramètres génétiques

Les conditions de naissance d'un veau sont décrites par une note de 1 à 5 : 1 = vêlage sans aide, 2 = vêlage avec aide facile, 3 = vêlage avec aide difficile, 4 = césarienne, 5 = veau découpé. Étant donné la faible proportion de codes 3, 4 et 5, ils sont regroupés. Une sélection des données est faite pour les données antérieures à 1999 dont la collecte était moins exhaustive.

Plusieurs effets sont pris en compte dans ce modèle :

- Effets fixes:
  - le mois de vêlage par campagne ;
  - la parité en fonction de l'âge au vêlage et du sexe ;
  - le troupeau par campagne ;
- Effets aléatoires:
  - effet génétique direct ;
  - effet génétique maternel;
  - effet d'environnement permanent maternel ;

La variance résiduelle dépend de l'année et du mois de vêlage, du sexe du veau, du département ainsi que du rang de vêlage et de l'âge au vêlage des mères. Ceci donne une plus grande flexibilité au modèle et le rend plus robuste aux caractéristiques des données.

Tableau de l'héritabilité (h^2) pour les index NAI et VEL

H^2 du caractère sous-jacent	h^2 NAI (%)	h^2 VEL (%)
Abondance (12), Brune (21), Tarentaise (31), Simmental (35), Normande (56), Vosgienne (57)	6,2	3,0
Montbéliarde (46)	6,8	2,9
Prim Holstein (66)	4,0	3,8

2.3.2 - LES VITALITES À LA NAISSANCE (VIN) ET AU VELAGE (VIV)

L'objectif est d'évaluer la mortalité de l'animal dans les 48h suivant la naissance (VIN) ainsi que la mortalité du veau au vêlage de l'animal si c'est une femelle et au vêlage des filles si l'animal indexé est un mâle (VIV). On a choisi de restituer les mortinatalités sous la forme des caractères opposés qu'on appelle les « vitalités ».

Données

La mortinatalité est définie à partir de la date de naissance du veau né simple et de sa date de sortie IPG pour la cause « mort » dans les 2 jours qui suivent. Les veaux considérés sont nés à partir du 1er janvier 1999. Pour tenir compte de la mise en place progressive de l'IPG européenne et conserver des données assez exhaustives, on impose des contraintes supplémentaires : l'information est acceptée pour un département à partir de l'année où on a un taux minimal de 3% de veaux mort-nés (2,5% pour la montbéliarde), et acceptée pour un élevage à partir de l'année où on y déclare un veau mort-né.

Modèle et paramètres génétiques

Le modèle est analogue à celui des conditions de naissance et de vêlage des races principales, avec un effet fixe supplémentaire, l'effet département par campagne. On considère que le même caractère s'exprime quel que soit l'âge ou le rang de vêlage de la mère.

Comme à l'étranger, la mortinatalité n'est pas corrigée pour les conditions de naissance ; par suite il y a une relation entre les caractères de mortinatalité et les caractères du vêlage.

Tableau de l'héritabilité (h^2) pour les index VIN et VIV

H² du caractère sous-jacent	h² VIN (%)	h² VIV (%)
Abondance (12), Brune (21), Tarentaise (31), Simmental (35)	0,5	0,5
Montbéliarde (46)	1,1	1,0
Normande (56)	1,0	1,0
Prim Holstein (66)	0,5	1,6

2.3.3 - EXPRESSION ET UTILISATION DES INDEX NAI, VEL, VIN, VIV

Suite au passage au Single Step, les OS ont eu le choix du mode d'expression de ces index pour les publications. Ces choix sont détaillés dans la note IBL 2022-8 publiée par Idele (lien ici).
Pour les OS ayant fait le choix de publier les index NAI/VEL et VIN/VIV en pourcentage :
les index NAI et VEL sont exprimés en % de vêlages faciles (codes 1 et 2) sur primipares vêlant en hiver avec un sex-ratio de 50%.
les index VIN et VIV sont exprimés en % de veaux vivants après 48h, nés d'une mère primipare pour un sex-ratio de 50%.

2.4 - LES INDEX DES CARACTERES DE CARCASSE

Les caractéristiques des carcasses sont issues de la base de données de Normabev.

2.4.1 - LES VEAUX DE BOUCHERIE

Les veaux de boucherie sont définis comme les animaux abattus entre 70j et 250j. Sont pris en compte les veaux filiés de mère normande, montbéliarde ou simmental, qu'ils soient de race pure ou croisés nés d'un père de race à viande.

Modèle et paramètres génétiques

4 caractères sont évalués : l'âge à l'abattage, le poids et la conformation de carcasse et la couleur de viande. Le modèle d'indexation polygénique est un Blup modèle animal multicaractère, avec un effet d'environnement permanent de la mère sur l'âge à l'abattage, corrigeant pour les facteurs de milieu suivants :

- la race du père ;
- le sexe du veau ;
- l'âge au vêlage de la mère (par année, de 2 à 11 ans ou >=12 ans) ;
- le groupe de contemporains défini par le troupeau engraisseur, l'année de naissance de veau et sa saison d'abattage (octobre-février ou mars-septembre).

Paramètres génétiques des caractères des veaux de boucherie de mère montbéliarde (écarts-types génétiques en colonne 1, héritabilités sur la diagonale, corrélations génétiques hors diagonale)

MON	Écart-type génétique	Poids carcasse	Age abattage	Conformation carcasse	Couleur de viande
Poids carcasse	9,00 kg	*0,27*	-0,14	0,77	-0,34
Age abattage	5,34 j		*0,27*	0,12	0,16
Conformation carcasse	0,86 1/3 classe			*0,37*	-0,25
Couleur de viande	0,13 classe				*0,10*

Paramètres génétiques des caractères des veaux de boucherie de mère normande (écarts-types génétiques en colonne 1, héritabilités sur la diagonale, corrélations génétiques hors diagonale)

NOR	Ecart-type génétique	Poids carcasse	Age abattage	Conformation carcasse	Couleur de viande
Poids carcasse	7.92 kg	*0.24*	-0.03	0.68	0.05
Age abattage	2.81 j		*0.09*	0.16	0.51
Conformation carcasse	0.80 1/3 classe			*0.34*	-0.42
Couleur de viande	0.13 classe				*0.11*

Paramètres génétiques des caractères des veaux de boucherie de mère simmental (écarts-types génétiques en colonne 1, héritabilités sur la diagonale, corrélations génétiques hors diagonale)

SIM	Ecart-type génétique	Poids carcasse	Age abattage	Conformation carcasse	Couleur de viande
Poids carcasse	7.924 kg	*0.198*	-0.469	0.56	-0.038
Age abattage	2.206 j		*0.03*	-0.436	-0.061
Conformation carcasse	0.503			*0.124*	0.044
Couleur de viande	1.021				*0.045*

Les index publiés et leur expression

Les index de poids de carcasse et d'âge à l'abattage ne sont pas publiés ; pondérés par leurs valeurs économiques respectives (26% et 74 %) ils sont synthétisés dans l'index de croissance carcasse (ICRCvbf), publié avec les index de conformation de carcasse (CONFvbf) et de couleur de viande (COULvbf ; de foncée à claire). L'index d'aptitudes bouchères (IABvbf, en unités d'écart-type et en euros) synthétise les 4 index élémentaires compte-tenu de leurs valeurs économiques respectives (12%, 36%, 41% et 11%).

Les index sont exprimés par rapport à la base de référence mobile de chaque évaluation, valant 0 par convention, regroupant les veaux de mère normande nés au cours des 5 dernières années et disposant des 4 performances. L'unité d'expression est l'écart-type génétique pour les caractères élémentaires, et l'écart-type des index de la population de référence pour les caractères de synthèse.

2.4.2 - LES JEUNES BOVINS

Les jeunes bovins sont définis comme les animaux abattus entre 350j et 730j. Sont pris en compte dans l'indexation seulement les jeunes bovins de race pure. Les races Simmental, Montbéliarde, Normande et Brune sont concernées par cette évaluation.

Modèle et paramètres génétiques

3 caractères sont évalués : l'âge à l'abattage, le poids de carcasses et la conformation. Le modèle d'indexation polygénique est un Blup modèle animal multicaractère corrigé pour les facteurs de milieu suivants :

- le mois de naissance ;
- le rang de vêlage de la mère (primipare/multipare) * classe d'âge de la mère (en mois) ;
- le groupe de contemporains défini par le troupeau d'abattage, la saison et l'année d'abattage.

Paramètres génétiques des caractères des jeunes bovins en race Montbéliarde (écarts-types génétiques en première colonne, les héritabilités sur la diagonale et corrélations génétiques hors diagonale)

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ELIANCE)
Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Elevage sous la responsabilité des Organismes de Sélection.

IDELE UMT eBis GenEval

MON	Écart-type génétique	Poids carcasse	Age abattage	Conformation carcasse
Poids carcasse	14,6 kg	*0,19*	-0,64	0,53
Age abattage	7,6 j		*0,07*	-0,27
Conformation carcasse	0,46 1/3 classe			*0,23*

Remarque : ces paramètres génétiques sont également utilisés pour la race Brune (21)

Paramètres génétiques des caractères des jeunes bovins en race Normande (écarts-types génétiques en colonne 1, héritabilités sur la diagonale, corrélations génétiques hors diagonale)

NOR	Écart-type génétique	Poids carcasse	Age abattage	Conformation carcasse
Poids carcasse	12.4 kg	*0.12*	-0.54	0.47
Age abattage	11.6 j		*0.14*	-0.02
Conformation carcasse	0.48 1/3 classe			*0.26*

Paramètres génétiques des caractères des jeunes bovins en race Simmental (écarts-types génétiques dans la première colonne, héritabilités sur la diagonale et corrélations génétiques hors diagonale)

SIM	Écart-type génétique	Poids carcasse	Age à l'abattage	Conformation carcasse
Poids carcasse	14,9 kg	*0,19*	- 0,81	0,32
Age abattage	7,3 j		*0,06*	0,04
Conformation carcasse	0,41 1/3 classe			*0,21*

Les index publiés et leur expression

Les index de poids de carcasse et d'âge à l'abattage ne sont pas publiés ; pondérés par leurs valeurs économiques respectives (79% et 21 %) ils sont synthétisés dans l'index de croissance carcasse (ICRCjbf), publié avec l'index de conformation de carcasse (CONFjbf). L'index d'aptitudes bouchères (IABjbf) en unités d'écart-type et en euros) synthétise les 3 index élémentaires compte-tenu de leurs valeurs économiques respectives (24%, 6%, 70%).

Les index sont exprimés par rapport à la base de référence mobile de chaque évaluation, valant 0 par convention, regroupant les jeunes bovins normands nés au cours des 7 dernières années et disposant des 3 performances. L'unité d'expression est l'écart-type génétique pour les caractères élémentaires, et l'écart-type des index de la population de référence pour les caractères de synthèse.

2.4.3 - LES VACHES DE REFORME (VACHEREFORME)

Définition du caractère et sélection des données

L'évaluation génétique des carcasses des vaches de réforme est proposée selon les races depuis le premier trimestre 2023. Trois races en bénéficient à ce jour.

Les performances utilisées proviennent de la base de données NORMABEV, et sont soumises à sélection selon les critères suivants :

- La parenté est connue
- L'âge à l'abattage est supérieur ou égal à 30 mois
- La vache a eu une carrière laitière
- La durée d'engraissement peut être estimée

- La taille des groupes de contemporaines (cheptel vendeur x campagne d'abattage) est inférieure à 2

Les performances de l'animal utilisées sont :
- Le poids de la carcasse
- La conformation de la carcasse
- L'état de la carcasse

Modèles et méthodes

Les valeurs génétiques ont été estimées en utilisant la méthodologie Single-Step selon un modèle animal uni-caractère.

Les effets environnementaux influençant l'indexation « Vaches de réforme » sont :
- Le rang de lactation à l'abattage
- L'âge à la première lactation
- La durée de lactation (classes)
- La durée d'engraissement (classes)
- La période d'abattage (région cheptel vendeur x campagne d'abattage x mois d'abattage)
- Le groupe de contemporaines (cheptel vendeur x campagne d'abattage)

Tableau de l'héritabilité (h^2) selon les caractères pour l'index vaches de réforme

Race	Poids	Conf	Etat
Montbéliarde	0.45	0.22	0.14
Normande	0.45	0.25	0.12
Simmental	0.45	0.22	0.14

Pour les trois races, trois index élémentaires sont estimés. Pour la Simmental et la Montbéliarde, un seul index de synthèse (SYNTHVR) est estimé, alors que pour la Normande, deux index de synthèse sont calculés (SYNTHVRA et SYNTHVRB).

Les synthèses Vache de Réforme (SYNTHVR) sont définies comme suit :

Race		Index de synthèse Vache de Réforme
Montbéliarde	SYNTHVR	0.6*CONF + 0.4*ETAT
Normande	SYNTHVRA	0.7*CONF + 0.3*POCAVE
	SYNTHVRB	0.5*CONF + 0.5*POCAVE
Simmental	SYNTHVR	0.7*CONF + 0.3*POCAVE

Avec CONF : Note de conformation de carcasse ; POCAVE : Poids de carcasse ; ETAT : Note d'état d'engraissement.

2.4.4 - SYNTHESE BOUCHERE

Cette synthèse est calculée pour la race Normande et pour la race Montbéliarde. Les caractères de performances à l'abattage et les index morphologiques liés à la musculairité de l'animal sont combinés dans une synthèse bouchère. Cette synthèse nécessite le calcul d'index combinés notamment pour les animaux sans performances propre (ex : les femelles) ou sans apparentement à un individu avec performance propre. La méthode utilisée est un BLUP Modèle Animal approché. A partir des performances corrigées de l'indexation de chaque caractère, il synthétise l'information du sujet et de ses apparentés pour chaque caractère enrichi par ses prédicteurs. Il produit des index combinés dont la précision (CD) est accrue par rapport aux index non combinés décrits précédemment. Ces index combinés ne sont pas officiels et ne servent que dans le calcul de la synthèse bouchère et de l'ISU.

Les synthèses bouchères (SYBO) sont définies comme suit :

Synthèse Bouchère race Normande (56)	
SYBO	**SYBO = 1,973 * (0,1125 ICRCjbf + 0,275 CONFjbf + 0,1125 ICRCvbf + 0,10 CONFvbf + 0,025 COULvbf + 0,225 MU + 0,15 FT)**

Avec ICRCjbf : croissance carcasses JB ; CONFjbf : conformation JB ; ICRCvbf : croissance carcasses VB ; CONFvbf : conformation VB ; COULvbf : couleur VB ; MU : Synthèse Muscularité ; FT : synthèse format.

Synthèse Bouchère race Montbéliarde (46)	
SYBO	**SYBO = 1,3 * (0,4 IABjbf + 0,1 IABvbf + 0,5 SYNTHVR)**

Avec IABjbf : index de synthèse aptitudes bouchères JB; IABvbf : index de synthèse aptitudes bouchères VB ; SYNTHVR : synthèse vache de réforme.

2.5 - LES INDEX MORPHOLOGIQUES

L'évaluation génétique des taureaux pour les caractères de format et de conformation s'appuie sur :

- *Une table de pointage linéaire*

Depuis l'automne 1985, les techniciens agréés par l'Organisme de Sélection décrivent, d'un extrême biologique à l'autre, le degré d'expression des caractères morphologiques ; cette note ne traduit pas nécessairement la désirabilité par rapport à un idéal. La vitesse de traite et le tempérament sont collectés d'après l'avis de l'éleveur.

La table de pointage étant commune aux rameaux Prim'Holstein et Pie-rouge depuis 2012, les caractères morphologiques évalués sont identiques et sont exprimés sous la même forme 0±1.

- *Le pointage des contemporaines d'étable*

Depuis décembre 1992, les filles des taureaux sont jugées en 1ère ou 2ème lactation en même temps que l'ensemble (troupeaux adhérents de l'OS) ou un échantillon prédéterminé de contemporaines (troupeaux non adhérents de l'OS).

- *L'indexation Single-Step modèle animal uni-caractère*

Les taureaux sont évalués en tenant compte de l'information morphologique et des relations de parenté entre animaux. L'information morphologique est corrigée pour les effets de l'âge au vêlage et du stade de lactation (par région et par campagne) en distinguant les 1ères et les 2èmes lactations, et en séparant les animaux mesurés à la toise des animaux notés de 1 à 9. S'ajoute l'effet de la visite qui traduit l'environnement commun à toutes les vaches vues le même jour dans le même élevage par le même technicien.

L'hétérogénéité des variances est prise en compte. On considère qu'un écart de valeur génétique entre animaux se traduit par un écart de performances différent selon les conditions de milieu. Le milieu est évalué pour sa variance résiduelle qui dépend de l'âge au vêlage et du stade de lactation (par région, selon que l'animal a été mesuré ou noté, en 1ère ou en 2ème lactation), ainsi que du technicien (par campagne, selon que l'animal a été mesuré ou noté). Ainsi le jugement est corrigé pour les facteurs de milieu mais aussi restitué dans un environnement standardisé.

L'évaluation Single-Step est actuellement réalisée en uni-caractère pour faciliter sa mise en place.

- *Des index composites pour les caractéristiques générales de morphologie*

Ils synthétisent des index élémentaires selon les objectifs raciaux de sélection morphologique. Les tableaux par race des composites, index de synthèses et héritabilités se trouvent en ANNEXE 3).

Annexe 3a: Synthèses et Héritabilités des index morphologiques race Abondance (12)

Annexe 3b: Synthèses et Héritabilités des index morphologiques race Brune (21)

Annexe 3c: Synthèses et Héritabilités des index morphologiques race Tarentaise (31)

Annexe 3d: Synthèses et Héritabilités des index morphologiques race Simmental (35)

Annexe 3e: Synthèses et Héritabilités des index morphologiques race Montbéliarde (46)

Annexe 3f: Synthèses et Héritabilités des index morphologiques race Normande (56)

Annexe 3g: Synthèses et Héritabilités des index morphologiques race Vosgienne (57)

Annexe 3h: Synthèses et Héritabilités des index morphologiques race Prim Holstein (66)

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ELIANCE)
Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Elevage sous la responsabilité des Organismes de Sélection.

IDELE UMT eBis GenEval

Remarque : certaines races ont choisi de faire évoluer l'indexation de caractères de synthèses. Autrefois calculés de façon linéaire à partir d'index élémentaires de caractères mesurés, les caractères mamelle, trayons, aplombs et bassin sont parfois aujourd'hui directement indexés à partir de notes attribuées par le logiciel de pointage racial. La mention "Appréciation" est accolée aux caractères concernés.

Remarque : certaines races ont choisi de faire rentrer les postes à optimum intermédiaire en valeur absolue (notés | |) dans l'ISU.

L'unité de mesure est l'écart-type génétique de valeur 1.
On notera que les 4 index composites sont qualitatifs (de mauvais à bon) alors que les index élémentaires sont descriptifs (d'un extrême à l'autre).

2.6 - L'INDEX SYNTHESE UNIQUE (ISU)

L'ISU regroupe une synthèse laitière, la synthèse morphologique et des index fonctionnels combinés (CELc, MACLc, FERc, FERGc, IVIA1c, LGFc) ainsi que la vitesse de traite TR. Il est exprimé en base mobile de moyenne 100 et d'écart-type 22 points.

Calcul de la synthèse laitière utilisée dans l'ISU :

	SYNTHESE LAITIERE
Abondance (12)	SYNT = 1,055 * (MP + 0,10 * MG + 3,00 * TP + 0,50 * TB)
Pie Rouge (19)	SYNT = 1,003 * (MP + 0,10 * MG + 3,00 * TP + 1,00 * TB)
Simmental (35)	SYNT = 1,055 * (MP + 0,10 * MG + 2,00 * TP + 0,50 * TB)
Montbéliarde (46)	SYNT = 0,76 * (MP + 0,51 * MG + 0,52 * TP + 0,15 * TB)
Normande (56)	SYNT = MP + 0,63 * MG
Vosgienne (57)	SYNT = MP + 0,20 * MG + 3,00 * TP + 1,00 * TB
Prim Holstein (66)	SYNT = 0,90 * (MP + 0,30 * MG + 0,50 * TP + 1,00 * TB)

L'ISU est défini ainsi :

	SYNTHESES INDEX
Abondance (12)	ISU = 100 + 32,75 * [0,023 SYNT + 0,1 SAMA + 0,12 REPRO + 0,12 LGF + 0,03(VTRA-100)/12 + 0,19 (MO-100)/12 + 0,03(TEMP-100)/12]
Pie Rouge (19)	ISU = 100 + 49,10 * (0,39 SYNT/25,2 + 0,18 SAMA + 0,145 FERV + 0,073 FERG + 0,073 IVIA1 + 0,06 LGF + 0,03 TR + 0,14 MO)
Brune (21)	ISU = 100 + 55* (0,017 SYNT + 0,11 SAMA + 0,17 REPRO + 0,06 LGF + 0,00025(NAI-100)/12 + 0,03 VTRA + 0,125 MO + 0,04 LGTR + 0,05 MUSC)
Tarentaise (31)	ISU = 100 + 48,23 * [0,0125 INEL+ 0,17 SAMA + 0,12 REPRO + 0,16 LGF + 0,11(MO – 100)/12 + 0,06 (VT-100)/12]
Simmental (35)	ISU = 100 + 43,57 * [0,48 SYNT/27,97 + 0,14 SAMA + 0,11 REPRO + 0,05 LGF + 0,03 (VTRA-100)/12 + 0,19 (MO-100)/12]
Montbéliarde (46)	ISU = 100 + 42,78 * [0,0165 SYNT + 0,20 SAMA + 0,11 REPRO + 0,096 LGF + 0,088 SYBO + 0,02 (TEMP-100)/12) + 0,036 (VTRA-100)/12) + 0,128 (MO-100)/12]
Normande (56)	ISU = 100 + 47,52 * [0.0082 SYNT+ 0,19 SAMA + 0,13 REPRO + 0,10 MA + 0,06 VTRA + 0,09 AP + 0,058 LGF + 0,14 SYBO]
	ISUBIS = 100 + 31,72 * [0,0126 SYNTBIS + 0,16 SAMABIS + 0,21 REPROBIS + 0,08 VTRA + 0.08 STPIBIS + 0.28 MOBIS + 0.10 SYBOBIS]
Vosgienne (57)	ISU = 100 + 40 * [0,025 SYNT + 0,15 CEL + 0,10 FERV + 0,25(MO-100)/12]

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ELIANCE)
Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Elevage sous la responsabilité des Organismes de Sélection.

IDELE UMT eBis GenEval

Prim Holstein (66)	**ISU = 100 + 51,33 * (0,0147 SYNT + 0,20 REPRO + 0,13 SAMA + 0,02 LGF + 0,07 VTRA + 0,15 MO +0,06 STPI)**

Remarque : l'écart-type de l'ISU est de 22 pour les races 46 56 et 66 et de 20 pour les races 12 21 31 35 et 57

3. – DIFFUSION DES TAUREAUX AVEC INDEX SINGLE STEP

Les index Single Step sont comparables entre eux et avec les index polygéniques, génomiques, sur ascendance. Ils sont exprimés dans les mêmes unités et par rapport aux mêmes bases que l'animal soit génotypé ou non et qu'il ait des performances ou non. Cependant, l'animal doit obligatoirement faire partie du SIG.

Les entreprises de sélection investisseuses déclarent les taureaux qu'elles mettent en marché sur la base des index Single-Step.
La publication des index est autorisée sous réserve que leur précision (CD) atteigne 0,50 ou 0,70 en fonction des races. Ce seuil est abaissé à 0,35 pour les caractères fonctionnels peu héritables des races régionales et à 0,40 pour les caractères de performances à l'abattage pour la Normande. Un seuil sur le nombre de filles peut être appliqué selon si l'animal possède un typage utilisé dans l'indexation ou non. Ce nombre de filles est dépendant du choix fait par les OS de chaque race. Mais pour les caractères fonctionnels, la publication dépend seulement du CD.

Les taureaux autorisés à la publication par les pays partenaires du consortiums Eurogenomics sont évalués par la France et suivent les mêmes règles de diffusion que les taureaux français mis en marché sur la base d'index Single-Step.

La partie diffusion des index est réalisée par IDELE. Une fois les index calculés et vérifiés par GenEval, ils sont transmis via le CTIG à IDELE qui se charge de réaliser des vérifications supplémentaires et transmettre en fonction du calendrier, les index aux organismes de sélection agréés.

4. LES ORGANISMES ET ENTREPRISES DE SELECTION

Le 1er novembre 2018, le règlement zootechnique européen est entré en vigueur, modifiant le dispositif actuel de la sélection en France.

Organisme	Codes races	Nom Organisme	Adresse	Coordonnées
OS & ES	21 15	BGS	149 rue de Bercy 75 595 PARIS cedex 12	Tel: 01 40 04 49 46 @: bgs@union-bgs.com web: www.brune-genetique.com
OS	23	Groupe Salers Evolution	La Maison de la Salers Domaine du Fau 15 140 SAINT BONNET DE SALERS	Tel: 04 71 40 20 89 @: groupe.salers.evolution@gmail.com web: www.salers.org/fr
OS & ES	46	EVA Jura	Route de Lons Crancot 39 570 HAUTEROCHE	Tel : 03 84 48 26 51 @ : contact@evajura.com web : www.evajura.com
OS	46	Les Eleveurs Montbéliards	32 rue des Croix Neuves 39 300 MONTROND	Tel : 03 84 51 77 22 @ : leseleveurs-montbeliards@laposte.net web : www.montbeliarde-selection.com
OS & ES	46	UMOTEST	259 Route des Soudanières CS 10002 01 250 CEYZERIAT	Tel : 04 74 25 09 60 @ : umotest@umotest.com web : www.umotest.com
OS	56	Organisme de sélection en Race Normande	Zone d'Activités Le Gué Thibout 61 700 DOMFRONT EN POIRAIE	Tel : 02 33 66 66 56 @ : contact@osnormande.fr web : www.lanormande.com
OS	66	Union Gènes Diffusion	3595 Route de Tournai 59501 DOUAI Cedex	Tel : 03 27 99 29 29 @ : gd@genesdiffusion.com web : www. genesdiffusion.com
OS	66	OS Prim'Holstein	42 Le Mont Soreau 49 480 SAINT SYLVAIN D'ANJOU	Tel : 02 41 37 66 66 @ : info@primholstein.com web : www.primholstein.com
OS	57	OS de la race bovine Vosgienne	Maison de l'Agriculture 11, rue Jean Mermoz BP 80038 68 127 SAINTE CROIX EN PLAINE	Tel: 03 89 20 97 00 @: racevosgienne@alsace.chambagri.fr web: www.racevosgienne.com/

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ELIANCE)
Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Elevage sous la responsabilité des Organismes de Sélection.

IDELE UMT eBis GenEval

OS	52	Union Bleue du Nord	2, rue de l'Epau 59 230 SARS-ET-ROSIERES	Tel: 03 62 26 36 30 @: maison.elevage.nord@gmail.com web: www.bleuedunord.fr/
OS	29	Union Bretonne Pie Noir	GIE Elevages de Bretagne Rue Maurice Le Lannou CS 64 240 35 042 RENNES cedex	Tel: 02 23 48 29 17 @: maison.elevage.nord@gmail.com web: www.bretonnepienoir.com
OS	63	Union Rouge Flamande	2, rue de l'Epau 59 230 SARS-ET-ROSIERES	Tel: 03 62 26 36 30 @: c.moriniere@gie-elevages-bretagne.fr @: r.chaabouni@gie-elevages-bretagne.fr web: www.rougeflammande.fr
OS	31	Unité Nationale pour la race bovine Tarentaise	40, rue du Terraillet 73 190 ST BALDOPH	Tel: 04 79 60 49 20 @: web: www.race-tarentaise.com/
OS ES	35	SIMMENTAL France	1 rue des Coulots 21110 BRETENIERE	Tel: 03 80 28 95 49 @: h.vignon@simmentalfrance.fr web: www.simmentalfrance.fr
ES	12 31 66	AURIVA - ELEVAGE	61 chemin des Hoteaux 69 126 BRINDAS	Tel : 04 72 38 31 72 @ : soual@auriva-elevage.fr web : www.auriva-elevage.fr
ES	12 23 31 35 56 66	ASSOCIATION MAINE BRETAGNE DEVELOPPEMENT	Domaine de la Crespelle 35133 LA CHAPELLE JANSON	Tel : 02 99 95 22 61 @ : contact@cia-crespelle.com web : www.cia-crespelle.com
ES	23 35 57 66	ELITEST	8 route de Gérardmer 88026 EPINAL Cedex	Tel : 03 29 81 15 90 @ : elitest@elitest.net web : www.elitest.net
ES	19 29 56 66	Union EVOLUTION	Rue Eric Tabarly CS 10040 35 530 NOYAL SUR VILAINE CEDEX	Tel : 02 99 87 90 90 @ : contact@evolution-xy.fr web : www.evolution-xy.fr
ES	12 23 35	Union Genes Diffusion	3595 Route de Tournai CS 70023 59 501 DOUAI	Tel : 03 27 99 29 29 @ : gd@genesdiffusion.com web : www.genesdiffusion.com

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ELIANCE)
Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Elevage sous la responsabilité des Organismes de Sélection.

IDELE UMT eBis GenEval

	66			
ES	15	Genes Diffusion SAS	3595 Route de Tournai 59 500 DOUAI	Tel : 03 27 99 29 29 @ : gd@genesdiffusion.com web : www.genesdiffusion.com
ES	52 63	CIA Genes Diffusion	3595 Route de Tournai 59 500 DOUAI	Tel : 03 27 99 29 29 @ : gd@genesdiffusion.com web : www.genesdiffusion.com
ES	23 66	UALC	Le Foirail 19 460 NAVES	Tel : 04 71 46 26 00 @ : ualc@groupealtitude.fr web : www.ualc.fr
ES	56	ORIGEN NORMANDE	Manoir de Saint Hippolyte 1271 Chemin Saint Hippolyte 14100 Saint-Martin-de-la-Lieue	Tel : 06 85 20 49 56 / 02 33 84 48 70 @ : m.chambrial@origenplus.com web : www.origen-normande.com
ES	46	SARL La Comtoise MLS	32 rue des Croix Neuves 39 300 MONTROND	Tel : 03 84 51 77 22 @ : leseleveurs-montbeliards@laposte.net web : www.montbeliarde-selection.com

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

-=-=-=-=-=-=-=-=-=-=-=-

Barbat A., Le Mezec P., Ducrocq V., Mattalia S., Fritz S., Boichard D., Ponsart C., Humblot P. (2010). Female fertility in French dairy breeds: Current situation and strategies for improvement. J. Reprod. Dev. 56: S15-S21

Bonaïti B, D. Boichard, E. Verrier, V. Ducrocq, A. Barbat, M. Briend (1990). La méthode française d'évaluation génétique des reproducteurs laitiers. I.N.R.A. Productions Animales, 1990, 3 (2), 83 -92

Boichard D., Bonaïti B., Barbat A. (1993). Effect of Holstein crossbreeding in the French black and white cattle population. J Dairy Sci., 76, 1157-1162

Boichard D et al (1995). Three methods to validate the estimation of genetic trend in dairy cattle. J Dairy Sci., 78, 431-437

Boichard D., A. Barbat, M. Briend (1997). Genetic evaluation for fertility in French dairy cattle. Gift workshop, November 23-25, Grub

Boichard D. et R. Rupp (1997). Genetic analysis and genetic evaluation for somatic cell score in French dairy cattle. Gift workshop, June 8-10 1997, Uppsala

Boichard D., A. Barbat, M. Briend (1998). Evaluation génétique des caractères de fertilité femelle chez les bovins laitiers. Journées 3R, 1998, 5, 103-106

Boichard D, Fritz S, Rossignol MN, Guillaume F, Colleau JJ, Druet T (2006). Implementation of marker-assisted selection: practical lessons from dairy cattle. In 'Proceedings of the 8th world congress of genetics applied to livestock production, Belo Horizonte, Brazil'. Communication no. 22-11

Boichard D. Guillaume F., Baur A. Croiseau P., Rossignol M.N., Boscher M.Y., Druet T. Genestout L., Colleau J.J., Journaux L., Ducrocq V., Fritz S. (2012). Genomic Selection in French Dairy Cattle. Anim. Prod. Sci., 52: 115-120

Brochard M., Boichard D., Ducrocq V., Fritz S. (2013). La sélection pour des vaches et une production laitière plus durables : acquis de la génétique et opportunités offertes par la sélection génomique. Productions Animales, 26, 145:156

Croiseau P, Legarra A, Guillaume F, Fritz S, Baur A, Colombani C, Robert-Granié C, Boichard D, Ducrocq V. (2011). Fine tuning genomic evaluations in dairy cattle through SNP pre-selection with the Elastic-Net algorithm. Genet Res (Camb) Dec; 93(6):409-17

Druet, T., C. Schrooten, A.P.W. de Roos (2010). Imputation of genotypes from different single nucleotide polymorphism panels in dairy cattle. J Dairy Sci 93:5443–5454

Ducrocq V. (1990). Les techniques d'évaluation génétique des bovins laitiers. I.N.R.A. Productions Animales 3 (1) 3-16

Ducrocq V. (1993). Genetic parameters for type traits in the French Holstein breed based on a multiple-trait animal model. Livestock Production Science, 36 (1993) 143-156

Ducrocq V. (2000). Calving ease evaluation of French dairy bulls with a heteroskedastic threshold model with direct and maternal effects. Interbull open meeting, May 14-15, Bled, Slovenia. Interbull Bulletin n°25, 123-130

Ducrocq V., Mathevon M. (2000). Evaluation génétique des taureaux de races laitières sur les conditions de naissance de leurs veaux et les conditions de vêlage de leurs filles, pp. 165-168 in « 7èmes Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants ». Paris, France, 6-7 Decembre 2000

Ducrocq V., D. Boichard, A. Barbat et H. Larroque (2001). Intégration des caractères fonctionnels dans un index de sélection pour les races bovines laitières : de la théorie à la pratique. Journées 3R, 2001, 8, 333-336

Ducrocq V. (2001). a) A two step procedure to get animal model solutions in Weibull survival models used for genetic evaluations on length of productive life. Interbull meeting, August 30-31, Budapest, Hungary. Interbull Bulletin 27, 147-152

Ducrocq V. (2004). Illustration of a trend validation test for longevity evaluations. Interbull Meeting, May 29-31, Sousse, Tunisia

Ducrocq V. (2005). An improved model for the French genetic evaluation of dairy bulls on length of productive life of their daughters. *Anim. Sci,* 80, 249-256

Guillaume F., Boichard D., Ducrocq V., Fritz S. (2011). Utilisation de la sélection génomique chez les bovins laitiers. Prod.Anim.24 :363-368

Govignon-Gion A., Dassonneville R., Balloche G., Ducrocq V. (2012). Genetic evaluation of mastitis in dairy cattle in France. Proceedings of the 2012 Interbull meeting, Cork, Ireland, May 28-31 2012. Interbull Bulletin 46, 121-126

Huquet B., Leclerc H, Ducrocq V. (2012). Modelling and estimation of genotype by environment interactions for production traits in French dairy cattle. Gen. Sel. Evol. 44 :35

Journaux L., Ledos H., Mathevon M., Mattalia S., Leudet O. (2002). Organization of recording and control of data used in France to evaluate calving ease and birth weight in dairy and beef cattle. ICAR Meeting 26-31st May 2002, Interlaken (Switzerland)

Lassen J., Sorensen M.K., Madsen P., Ducrocq V. (2007). Robustness of an approximate multitrait model and correction for selection bias. Genet. Sel. Evol 39: 353-357

Lund M.S., de Roos A.P.W., de Vries A.G., Druet T., Ducrocq V., Fritz S., Guillaume F., Guldbrandtsen B., Liu Z., Reents R., Schrooten C., Seefried M., Su G. (2011). Common reference of four European Holstein populations increase reliability of Genomic Predictions. Gen. Sel. Evol., 43 :43

Meszaros G., Sölkner J., Ducrocq V. (2013). The Survival Kit: Software to analyze survival data including possibly correlated random effects. Comput. Methods Programs Biomed 110, 503-510

Robert C. (1996). Etude de quelques problèmes liés à la mise en œuvre du REML en génétique quantitative. PhDThesis. Institut National Agronomique Paris-Grignon, 3-357

Robert-Granié C., Ducrocq V., Foulley J.L. (1997). Heterogeneity of variance for type traits in the Montbéliarde cattle breed. Genet. Sel. Evol., 29, 545-570

Robert-Granié C., B. Bonaïti, D. Boichard, A. Barbat (1999). Accounting for variance heterogeneity in French dairy cattle genetic evaluation. Livestock Production Science 60, 34

Robert-Granié C., Legarra A., Ducrocq V. (2011). Principes de base de la sélection génomique. Prod.Anim.24:331-340

Rupp R., D. Boichard, A. Barbat (1997). Evaluation génétique des bovins laitiers sur les comptages de cellules somatiques pour l'amélioration de la résistance aux mammites. Journées 3R, 1997, 4, 211-214

Van Raden P.M., Wiggans G.R. (1991). Derivation, calculation and use of national animal model information. J. Dairy Sci. 74: 2737-2746

Yazdi M.H., Visscher P.M., Ducrocq V., Thompson R. (2002). Heritability, reliability of genetic evaluations and response to selection in proportional hazard models. J. Dairy Sci., 85, 1563-1577

ANNEXES

-=-=-=-=-=-=-=-=-=-=-

ANNEXE 1: Evaluations actuellement réalisées et / ou diffusées pour les races BOVINS LAIT

Evaluations	Abondance (12)	Pie Rouge (19)	Brune (21)	Salers (23)	Bretonne Pie Noire (29)	Tarentaise (31)	Simmental (35)	Montbéliarde (46)	Bleue du Nord (52)	Normande (56)	Vosgienne (57)	Rouge Flamande (63)	Prim Holstein (66)
Acétonémie		X						X		X			X
Carcasses JBL			X				X	X		X			
Carcasses VB pur							X	X		X			
Cellules	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
Diger								X					
Fertilité	X	X	X			X	X	X		X	X		X
Frommir								X					
Lait	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
Lésions Podales		X						X		X			X
Longévité	X	X	X			X	X	X		X	X		X
Mammites	X	X	X			X	X	X		X			X
Morphologie	X	X	X			X	X	X		X	X		X
Naissance-Vêlage	X	X	X			X	X	X		X	X		X
Vaches Réforme							X	X		X			
Vitalité-Naissance	X	X	X			X	X	X		X			X
ISU	X	X	X			X	X	X		X	X		X

X = évaluation SINGLE-STEP X = évaluation privée NB : l'affichage des évaluations privées réalisées par GenEval n'est pas exhaustif

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ELIANCE)

Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Elevage sous la responsabilité des Organismes de Sélection.

IDELE UMT eBis GenEval

ANNEXE 2: Corrélations génétiques entre caractères fonctionnels, morphologiques et laitiers

ANNEXE 2a : Corrélations génétiques en race Abondance (12)

	LAIT	CEL	LGF	FERG	FERV	IVIA1	TNRG	TNRV	MACL	volume mamelle	équilibre mamelle	attache avant	écart avant tr.
CEL													
LGF	-0,19	0,29											
FERG	0,00	-0,19	-0,29										
FERV	-0,09	-0,10	-0,32	0,64									
IVIA1	0,40	0,12	0,09	-0,01	-0,17								
TNRG	-0,02	-0,20	-0,29	0,70	0,50	0,11							
TNRV	-0,12	-0,28	-0,33	0,54	0,58	0,07	0,61						
MACL	0,28	0,57	0,42	-0,05	-0,10	0,19	-0,07	-0,26					
volume mamelle	0,25	0,25	0,27		-0,18								
équilibre mamelle	0,15	-0,25	-0,38		0,18			0,01	-0,19	-0,29			
attache avant	0,25	-0,20	-0,14						-0,08	0,02	0,51		
écart avant tr.	-0,10	0,24	-0,09		0,04					0,50	-0,16	-0,23	
v. traite	0,10	0,05	-0,27		0,14				0,10	-0,52	0,33	0,02	-0,39

ANNEXE 2b : Corrélations génétiques en race Brune (21)

	LAIT	CEL	LGF	FERG	FERV	IVIA1	TNRG	TNRV	MACL	angle jarret	attache avant	plancher jarret	équilibre mamelle
CEL													
LGF	-0,11	0,37											
FERG	0,00	-0,19	-0,32										
FERV	-0,24	-0,10	-0,32	0,63									
IVIA1	0,33	0,13	-0,01	-0,01	-0,15								
TNRG	-0,05	-0,16	-0,24	0,83	0,57	0,12							
TNRV	-0,06	-0,13	-0,28	0,47	0,63	0,37	0,61						
MACL	0,20	0,67	0,41	-0,05	-0,17	0,23	-0,03	-0,16					
angle jarret			0,32										
attache avant		-0,20	-0,34		0,05				-0,12				
plancher-jarret	-0,35	-0,15	-0,47		0,20			0,01	-0,03		0,58		
équilibre mamelle		-0,10	-0,37		0,10						0,70	0,55	
longueur trayons	-0,05	0,35	0,37		-0,15						-0,36	-0,19	-0,26

ANNEXE 2c : Corrélations génétiques en race Tarentaise (31)

	LAIT	CEL	LGF	FERG	FERV	IVIA1	TNRG	TNRV	MACL	volume mamelle	attache avant	long trayons
CEL	0,05											
LGF	-0,16	0,21										
FERG		-0,19	-0,33									
FERV	-0,15	-0,16	-0,42	0,64								
IVIA1	0,40	0,11	0,10	-0,02	-0,18							
TNRG	-0,02	-0,19	-0,31	0,72	0,52	0,11						
TNRV	-0,12	-0,27	-0,37	0,56	0,62	0,06	0,62					
MACL	0,27	0,54	0,45	-0,06	-0,10	0,20	-0,09	-0,29				
volume mamelle	0,35	0,40	0,10		-0,19			-0,01	0,01			
attache avant	0,20	-0,20	-0,16						-0,05	-0,06		
long trayons		0,45	0,37		-0,14				0,14	0,11	-0,24	
v. traite	0,05		-0,32	-0,01	0,20	0,01	-0,01	-0,01	-0,16	-0,42	0,14	-0,13

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ELIANCE)
Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Elevage sous la responsabilité des Organismes de Sélection.

IDELE UMT eBis GenEval

ANNEXE 2d : Corrélations génétiques en race Simmental (35)

	LAIT	CEL	LGF	FERG	FERV	IVIA1	TNRG	TNRV	MACL	v. traite	attache avant	plancher-jarret	orient. trayons	forme trayons
CEL														
LGF	-0,21	0,26												
FERG	0,00	-0,19	-0,33											
FERV	-0,20	-0,01	-0,26	0,67										
IVIA1	0,38	0,12	0,11	0,00	-0,18									
TNRG	-0,02	-0,20	-0,32	0,72	0,52	0,11								
TNRV	-0,11	-0,28	-0,37	0,56	0,62	0,07	0,61							
MACL	0,26	0,57	0,47	-0,06	-0,11	0,19	-0,07	-0,27						
v. traite	0,20	0,00	-0,37						-0,11					
attache avant	0,20	-0,10	-0,28		0,05				-0,06	0,27				
plancher-jarret	-0,35	-0,25	-0,20		0,14			0,01		0,12	0,38			
orient. trayons	0,10	-0,27	-0,26							0,06	0,31	0,26		
forme trayons	0,10	0,29	0,34		-0,10				0,23	-0,41	-0,32	-0,35	-0,33	
aplombs			-0,21											

ANNEXE 2e : Corrélations génétiques en race Montbéliarde (46)

	LAIT	CEL	LGF	FERG	FER	IVIA1	TNRG	TNRV	MACL	MO1	MO2	MO3	MO4	MO5	MO6
CEL	0,15														
LGF	-0,14	0,37													
FERG	0,05	-0,20	-0,29												
FERV	-0,21	-0,29	-0,46	0,66											
IVIA1	0,37	0,12	0,10	0	-0,21										
TNRG	-0,02	-0,21	-0,31	0,69	0,57	0,13									
TNRV	-0,11	-0,30	-0,37	0,53	0,72	0,11	0,60								
MACL	0,27	0,60	0,46	-0,02	-0,19	0,16	-0,03	-0,20							
MO1	0,07	0,11	0,07	-0,08	-0,18	-0,01	-0,16	-0,25	0,07						
MO2	0,12	-0,06	-0,29	0,07	0,09	0	0	0	-0,06	-0,09					
MO3	0,33	0,45	0,50	-0,01	-0,20	0,25	-0,08	-0,20	0,49	0,09	-0,23				
MO4	-0,08	-0,15	-0,30	0,12	0,09	0	0	0	-0,16	0,09	0,45	-0,39			
MO5	0,07	0,25	0,23	0,09	0,01	0	0	0	0,24	0,09	-0,17	0,22	-0,12		
MO6	0,17	0,07	-0,39	0,01	-0,02	0	0	0	-0,10	0,02	0,31	-0,31	0,25	-0,20	
MO7	0,02	-0,05	-0,24	0,07	0,07	0	0	0	0	-0,03	0,08	-0,14	0,16	-0,09	0,09

** Dans ce tableau une valeur élevée est défavorable pour CEL (davantage de cellules), LGF (davantage de réformes), MACL (davantage de mammites) et IVIA1 (davantage de jours avant la 1ère IA).*

** MO1 profondeur de flancs, MO2 attache avant, MO3 développement mamelle, MO4 équilibre mamelle, MO5 forme des trayons, MO6 vitesse de traite, MO7 synthèse aplombs.*

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ELIANCE)
Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Elevage sous la responsabilité des Organismes de Sélection.

IDELE UMT eBis GenEval

ANNEXE 2f : Corrélations génétiques en race Normande (56)

	LAIT	CEL	LGF	FERG	FER	IVIA1	TNRG	TNRV	MACL	MO1	MO2	MO3	MO4	MO5	MO6
CEL	0														
LGF	-0,18	0,38													
FERG	0,06	-0,19	-0,24												
FER	-0,20	-0,25	-0,42	0,66											
IVIA1	0,26	0,07	0,23	0,01	-0,31										
TNRG	0,03	-0,16	-0,17	0,86	0,57	0,30									
TNRV	-0,11	-0,19	-0,26	0,53	0,75	0,13	0,64								
MACL	0,26	0,59	0,41	-0,10	-0,31	0,17	-0,14	-0,27							
MO1	0,16	0,08	0	-0,17	-0,14	0	-0,23	-0,15	0,14						
MO2	-0,03	-0,02	-0,18	-0,08	-0,06	0	0	0	0	0,04					
MO3	-0,38	-0,08	-0,03	-0,13	0,06	-0,32	-0,14	0	-0,23	0,04	0,24				
MO4	0,09	-0,11	-0,28	0,07	0,11	0	0	0	-0,07	-0,11	0,14	0,06			
MO5	-0,09	-0,19	-0,29	-0,07	0,05	0	0	0	-0,15	-0,08	0,20	0,15	0,55		
MO6	-0,22	-0,26	-0,37	0,01	0,24	-0,17	-0,01	0,13	-0,34	0,32	0,18	0,14	0,24	0,38	
MO7	0,09	0,29	-0,17	-0,04	0,05	0	0	0	0,12	0,10	0,13	-0,05	0,26	0,20	0,32

** Dans ce tableau une valeur élevée est défavorable pour CEL (davantage de cellules), LGF (davantage de réformes), MACL (davantage de mammites) et IVIA1 (davantage de jours avant la 1ère IA).*

** MO1 hauteur au sacrum, MO2 synthèse aplombs, MO3 filet, MO4 attache avant, MO5 équilibre mamelle, MO6 distance plancher-jarret, MO7 vitesse de traite.*

ANNEXE 2g : Corrélations génétiques en race Prim Holstein (66)

	LAIT	CEL	LGF	FERG	FER	IVIA1	TNRG	TNRV	MACL	MO1	MO2	MO3	MO4	MO5	MO6	MO7
CEL	0,03															
LGF	-0,16	0,45														
FERG	-0,12	-0,12	-0,29													
FER	-0,22	-0,25	-0,43	0,60												
IVIA1	0,42	0,13	-0,01	0	-0,16											
TNRG	-0,04	-0,16	-0,24	0,85	0,57	0,12										
TNRV	-0,05	-0,14	-0,29	0,45	0,69	0,38	0,64									
MACL	0,26	0,70	0,44	0	-0,24	0,23	-0,05	-0,12								
MO1	0	0,37	-0,16	0,09	0,03	0	0	0	0,18							
MO2	-0,22	-0,27	-0,38	-0,02	0,13	0	0	0,01	-0,30	0,28						
MO3	-0,13	-0,07	-0,20	0,01	0,02	0	0	0	-0,13	0,23	0,52					
MO4	0,09	0	-0,09	0,17	0,23	0,04	0,13	0,13	-0,05	0	-0,05	-0,12				
MO5	0,16	0,13	0,19	0,02	-0,30	0,08	0,02	-0,23	0,19	0,04	-0,05	0,09	0,05			
MO6	0,33	0,18	0,02	0,22	-0,18	0,36	0,11	-0,07	0,28	0,17	-0,09	-0,03	0,03	0,70		
MO7	0,12	-0,01	-0,11	-0,05	-0,09	0	0	0	0	0,03	0,14	0,14	0,03	0,05	-0,06	
MO8	-0,30	-0,13	-0,03	-0,24	-0,03	-0,49	-0,15	-0,16	-0,32	0	0	0	0,06	-0,13	-0,66	0

** Dans ce tableau une valeur élevée est défavorable pour CEL (davantage de cellules), LGF (davantage de réformes), MACL (davantage de mammites) et IVIA1 (davantage de jours avant la 1ère IA).*
** MO1 vitesse de traite, MO2 distance plancher-jarret, MO3 attache avant, MO4 inclinaison bassin, MO5 profondeur de corps, MO6 aspect corporel, MO7 locomotion, MO8 état corporel.*

ANNEXE 3 : Synthèses et héritabilités des index morphologiques BOVINS LAIT

ANNEXE 3a : Synthèses et Héritabilités des index morphologiques en race Abondance (12)

Ce tableau présente les index composites pour les caractéristiques générales de morphologie. Ils synthétisent des index élémentaires selon les objectifs raciaux de sélection morphologique.

	Synthèses des index morphologiques race Abondance (12)	< 100	> 100
CORPS	**CO = 1,3223 * (0,25 * HSAM + 0,25 * LPOM + 0,25 * PPOM + 0,25 * PFLM)**	mauvais	bon
MAMELLE	**MA = 2,1324 * (0,125 * VOMA + 0,10 * EQUI + 0,10 * ATAV + 0,15 * HATA + 0,10 * LATA + 0,125 * SLIM + 0,10 * ECAV + 0,10 * ORTR + 0,10 * TRAY)**	mauvais	bon
MORPHO	**MO = 1,8769 (0,33 * MA + 0,33 * FO + 0,19 * APLB + 0,14 * APTB)**	mauvais	bon
FORMAT	**FO = 1.2172 (0.15 * LPOM + 0.2 * PPOM + 0.25 * PFLM + 0.2 * LOBM + 0.2 * LATM)**	mauvais	bon

TABLEAU DES HERITABILITES (H^2) POUR LES INDEX MORPHOLOGIQUES EN RACE ABONDANCE (12)

	h^2	Caractère	< 100	> 100
HSAM	0.60	Hauteur SAcrum Mesure	petit	grand
LPOM	0.23	Largeur POitrine Mesure	étroit	large
PPOM	0.47	Profondeur POitrine Mesure	faible	importante
PFLM	0.40	Profondeur FLancs Mesure	faible	importante
LOBM	0.31	LOngueur Bassin Mesure	courte	longue
LATM	0.52	LArgeur Trochanters Mesure	étroit	large
INBA	0.40	INclinaison BAssin Mesure	incliné	renversé
ANJA	0.20	ANgle du JArret	droit	coudé
PIED	0.11	Epaisseur du talon	épais	mince
OUJA	0.13	OUverture du JArret	panard	cagneux
VOMA	0.39	VOlume MAmelle	peu volumineuse	très volumineuse
EQUI	0.27	EQUIlibre avant arrière	quartiers arrière bas	quartiers arrière hauts
ATAV	0.43	ATtache AVant	courte	longue
HATA	0.29	HAuteur ATtache arrière	basse	haute
LATA	0.27	LArgeur ATtache arrière	étroite	large
SILM	0.26	SILlon Mamelle	peu marqué	marqué
ECAV	0.33	ECart trayons Avant	étroit	large
ORTR	0.30	ORientation des TRayons	externe	interne
LGTR	0.46	LonGueur des TRayons	court	long
FOTR	0.23	FOrme des TRayons	fin	gros
VTRA	0.30	Vitesse de TRAite	lente	rapide
TEMP	0.16	TEMPérament	difficile	facile
APTB	0.33	APTitude Bouchère	mauvais	bon
BASS	0.39	BASSin - Appréciation	mauvais	bon
APLB	0.17	APLomBs - Appréciation	mauvais	bon
TRAY	0.32	TRAYons - Appréciation	mauvais	bon

ANNEXE 3b: Synthèses et Héritabilités des index morphologiques en race Brune (21)

Ce tableau présente les index composites pour les caractéristiques générales de morphologie. Ils synthétisent des index élémentaires selon les objectifs raciaux de sélection morphologique.

	Synthèses des index morphologiques race Brune (21)	< 100	> 100
MAMELLE	**MA = 2,30 (0,13 * PLJA + 0,10 * SUPO + 0,09 * EQUI + 0,075 * ATAV + 0,11 * FAAV + 0,115 * HATA + 0,11 * LATA + 0,04 * ECAV - 0,05 * IMPL + 0,04 * ORTR + 0,07 * LGTR + 0,07 * DITR)**	mauvais	bon
CORPS	**CO = 1,23 (0,2 * HSAC + 0,28 * LAPO + 0,28 * PRFL + 0,24 * LIDE)**	mauvais	bon
BASSIN	**BAS = 1,76 (0,2 * LOBA + 0,3 * LAIS + 0,3 * INBA + 0,2 * POTR)**	mauvais	bon
MEMBRES	**ME = 2,15 (0,16 * EPJA – 0,32 * ANJA + 0,24 * ANPI + 0,28 * PIED)**	mauvais	bon
MORPHO	**MO = 1,4396 (0,40 * MA + 0,25 * CO + 0,10 * BASS + 0,25 * ME)**	mauvais	bon

TABLEAU DES HERITABILITES (h^2) POUR LES INDEX MORPHOLOGIQUES EN RACE BRUNE (21)

	h^2	Caractère	<0	>0
HSAC	0.59	Hauteur SACrum	petit	grand
PPOI	0.38	Profondeur de POItrine	étroite	large
LOBA	0.28	LOngueur de BAssin	court	long
LAHA	0.34	LArgeur aux HAnches	étroites	larges
PRFL	0.38	PRofondeur de FLancs	faible	profonde
INBA	0.34	INclinaison du BAssin	renversé	incliné
LIDE	0.17	LIgne de DEssus	ensellée	droite
EPJA	0.29	EPaisseur du JArret	épais	fins
ANJA	0.17	ANgle du JArret	droit	coudé
ANPI	0.13	ANgle du PIed	incliné	droit
PIED	0.09	Epaisseur du talon	mince	épais
ATAV	0.28	ATtache AVant	courte	longue
HATA	0.21	HAuteur ATtache Arrière	basse	haute
LATA	0.27	Largeur ATtache Arrière	étroite	large
PLJA	0.39	Distance PLancher JArret	plancher bas	plancher haut
EQUI	0.27	EQUIlibre avant arrière	quartiers arrière bas	quartiers arrière hauts
SUPO	0.30	Ligament de la mamelle (SUPpOrt)	absent	marqué
ECAV	0.45	ECart AVant	large	étroit
ORTR	0.37	ORientation des TRayons	externe	interne
IMPL	0.37	IMPLantation Trayons Arrière	externe	interne
LGTR	0.47	LonGueur des TRayons	courts	longs
VTRA	0.25	Vitesse de TRAite	lent	rapide
TYPE	0.36	TYPE - Appréciation	mauvais	Bon
LAPO	0.22	LArgeur de POitrine	étroite	large
LAIS	0.37	LArgeur aux ISchions	étroits	larges
POTR	0.14	POsition TRochanters	en arrière	en avant
FAAV	0.29	Force Attache AVant	relâchée	forte
DITR	0.37	DIamètre des TRayons	fins	gros
ETCO	0.26	ETat COrporel	maigre	enrobé
TEMP	0.13	TEMPérament	nerveux	calme
MUSC	0.31	MUSCulature	mauvais	Bon

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ELIANCE)
Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Elevage sous la responsabilité des Organismes de Sélection.

IDELE UMT eBis GenEval

ANNEXE 3c: Synthèses et Héritabilités des index morphologiques en race Tarentaise (31)

Ce tableau présente les index composites pour les caractéristiques générales de morphologie. Ils synthétisent des index élémentaires selon les objectifs raciaux de sélection morphologique.

Synthèses des index morphologiques race Tarentaise (31)		< 100	> 100
CORPS	**CO = 1,2806 * (0.33 * LPOM + 0,34 * PPOM + 0,33 * PRFM)**	mauvais	bon
MORPHO	**MO = 1,7099 (0,35 * MAME + 0,30 * CO + 0,15 * APLB + 0,10 * BASS + 0,05 * APTB + 0,05 * TRAY)**	mauvais	bon

TABLEAU DES HERITABILITES (H^2) POUR LES INDEX MORPHOLOGIQUES EN RACE TARENTAISE (31)

	h^2	Caractère	< 100	> 100
HSAM	0.61	Hauteur SAcrum Mesure	petit	grand
LPOM	0.26	Largeur POitrine Mesure	étroit	large
PPOM	0.45	Profondeur POitrine Mesure	faible	importante
PRFM	0.37	PRofondeur Flancs Mesure	faible	importante
LOBM	0.39	LOngueur Bassin Mesure	courte	longue
LAHM	0.55	LOngueur Bassin Mesure	étroit	large
LATM	0.49	LArgeur Trochanters Mesure	étroit	large
INBA	0.36	INclinaison BAssin Mesure	incliné	renversé
ANJA	0.11	ANgle du JArret	droit	coudé
PIED	0.10	Epaisseur du talon	épais	mince
OUJA	0.10	OUverture du JArret	panards	cagneux
VOMA	0.34	Volume MAmelle	peu volumineuse	très volumineuse
EQUI	0.19	EQUIlibre avant arrière	quartiers arrière bas	quartiers arrière hauts
ATAV	0.34	ATtache AVant	courte	longue
HATA	0.14	HAuteur ATtache arrière	basse	haute
LATA	0.18	LArgeur ATtache arrière	étroite	large
SUPO	0.14	SILlon Mamelle	peu marqué	marqué
ECAV	0.30	ECart trayons Avant	étroit	large
ORTR	0.22	ORientation des TRayons	externe	interne
LGTR	0.42	LonGueur des TRayons	court	long
FOTR	0.36	FOrme des TRayons	fin	gros
VTRA	0.10	Vitesse de TRAite	lente	rapide
TEMP	0.20	TEMPérament	difficile	facile
APTB	0.28	Aptitude Bouchère	mauvais	bon
BASS	0.39	Bassin - Appréciation	mauvais	bon
APLB	0.10	Aplombs - Appréciation	mauvais	bon
MAME		Mamelle - Appréciation	mauvais	bon
TRAY		Trayons - Appréciation	mauvais	bon

ANNEXE 3d: Synthèses et Héritabilités des index morphologiques en race Simmental (35)

Ce tableau présente les index composites pour les caractéristiques générales de morphologie. Ils synthétisent des index élémentaires selon les objectifs raciaux de sélection morphologique.

	Synthèses des index morphologiques race Simmental (35)	< 100	> 100
MORPHO	MO = 1,8263 (0,25 * DEVE + 0,25 * MUSC + 0,34 * MAME + 0,16 * APLO)	mauvais	bon

TABLEAU DES HERITABILITES (H^2) POUR LES INDEX MORPHOLOGIQUES EN RACE SIMMENTAE (35)

	h^2	Caractère	< 100	> 100
HSAM	0.70	Hauteur SAcrum Mesure	petit	grand
PCOR	0.43	Profondeur de COrps Mesure	faible	profonde
LCOR	0.25	Longueur de COrps Mesure	longue	courte
LPOM	0.28	Largeur de POitrine Mesure	étroite	large
LOBM	0.46	LOngueur BAssin Mesure	courte	longue
LAHM	0.48	LArgeur aux Hanches Mesure	étroite	large
LATM	0.40	LArgeur aux Trochanters Mesure	étroite	large
DEVE	0.64	DEVEloppement Appréciation	mauvais	bon
MUSC	0.36	MUSCulature Appréciation	mauvaise	bonne
INBA	0.40	INclinaison BAssin	renversé	incliné
ANJA	0.18	ANgle du JArret	droit	coudé
ANPA	0.08	ANgle du PAturon	incliné	droit
EPJA	0.21	Épaisseur du jarret	épais	sec
EPTA	0.04	ÉPaisseur du TAlon	faible	épais
APLO	0.10	APLOmb	mauvais	bons
AAAV	0.28	Angle Attache AVant	faible	fort
ATAV	0.26	Longueur ATtache AVant	coupée	longue
LAAR	0.22	Longueur Attache ARrière	courte	longue
EQUI	0.24	EQUIlibre avant arrière	arrière bas	avant bas
PLJA	0.32	Distance Plancher JArret	plancher bas	plancher haut
ORTR	0.31	ORientation TRayons arrières	externe	interne
ECAV	0.34	ECart trayons AVant	large	étroit
SUPO	0.24	Ligament de la mamelle	absent	marqué
LGTR	0.50	LonGueur TRayons	court	long
FOTR	0.37	FOrme des TRayons	fin	gros
TSUP	0.16	Trayons SUPplémentaires	présence	absence
MAME	0.30	MAMElle Appreciation	mauvaise	bonne
VTRA	0.20	Vitesse de TRAite	lente	rapide
TEMP	0.18	TEMPérament	nerveux	lymphatique
NGLO	0.41	Note GLObale calculée	mauvais	bon

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ELIANCE)
Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Elevage sous la responsabilité des Organismes de Sélection.

IDELE UMT eBis GenEval

ANNEXE 3e: Synthèses et Héritabilités des index morphologiques en race Montbéliarde (46)

Ce tableau présente les index composites pour les caractéristiques générales de morphologie. Ils synthétisent des index élémentaires selon les objectifs raciaux de sélection morphologique.

	Synthèses des index morphologiques race Montbéliarde (46)	< 100	> 100
CORPS	**CO = 1,3170 * (0,10 * HSAC + 0,35 * LPOI + 0,25 * PPOI + 0,30 * PFLA)**	mauvais	bon
FT	**FT = 1,06 * (0,30 * LPOI + 0,20 * PPOI + 0,25 * LOBA + 0, 25 * LATR)**	mauvais	bon
AB	**AB = 1,2119 * (0,50 * GARR + 0,50 * CUIS)**	mauvais	bon
MORPHO	**MO = 1,60 * (0,30 * FT + 0,25 * APLO + 0,35 * MA + 0,10 * AB)**	mauvais	bon

TABLEAU DES HERITABILITES (H^2) POUR LES INDEX MORPHOLOGIQUES EN RACE MONTBELIARDE (46)

	h^2	Caractère	< 100	> 100
HSAC	0.63	Hauteur SAcrum Mesure	petite	grande
LPOI	0.33	Largeur de POItrine Mesure	étroite	large
PPOI	0.46	Profondeur de POItrine Mesure	faible	importante
PFLA	0.42	Profondeur de FLAncs	faible	importante
LOBA	0.40	LOngueur de BAssin	courte	longue
LAHA	0.39	LArgeur aux HAnches	étroite	large
LATR	0.38	LArgeur aux TRochanters	étroite	large
INBA	0.36	INclinaison du BAssin	incliné	horizontal
ANJA	0.29	ANgle du JArret	droit	coudé
PATU	0.23	PATUron	incliné	droit
ATAV	0.27	ATtache AVant	courte	longue
ATRH	0.25	Hauteur ATtache Arrière	basse	haute
ATRL	0.28	Largeur ATtache aRrière	étroite	large
DEVE	0.38	DEVEloppement	important	faible
EQUI	0.15	EQUilibre	quartiers arrière bas	quartiers arrière hauts
SUPP	0.22	SUPport	absent	marqué
ECAV	0.34	ECart AVant des Trayons	large	étroit
ORTR	0.28	ORientation des TRAyons	mauvaise	bonne
LOTR	0.45	LOngueur des TRayons	longs	courts
FOTR	0.27	FOrme des TRayons	fins	gros
GARR	0.30	GARRot	en toit	large
CUIS	0.33	CUISsse	creuse	volumineuse
VTRA	0.27	Vitesse de TRAite	lente	rapide
BASS	0.34	BASSin - Appréciation	mauvais	bon
TRAY	0.39	TRAYons	mauvais	bons
TEMP	0.10	TEMPérament	nerveux	docile
EPJA	0.34	EPaisseur du JArret	fin	large
MVAR	0.15	Membres Vue ARrière	panards	cagneux
HTAL	0.07	Hauteur du TALon		
ECAR	0.34	ECart ARrière trayons	large	étroit
MA	0.34	MAmelle Nouvelle - Appréciation	mauvaise	bonne
APLO	0.09	APLOmbs - Appréciation	mauvais	bons
TSUP	0.25	Trayons SUrnuméraires		

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ELIANCE)
Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Elevage sous la responsabilité des Organismes de Sélection.

IDELE UMT eBis GenEval

ANNEXE 3f: Synthèses et Héritabilités des index morphologiques en race Normande (56)

Ce tableau présente les index composites pour les caractéristiques générales de morphologie. Ils synthétisent des index élémentaires selon les objectifs raciaux de sélection morphologique.

	Synthèses des index morphologiques race Normande (56)	< 100	> 100
MAMELLE	**MA = 1,20 * (0,10 * ATAV + 0,05 * ATAR + 0,20 * EQUI + 0,05 * ORTR + 0,15 * ECTR + 0,20 * LIGA + 0,25 * DPLJ)**	mauvais	bon
FO	**FO = 1,195 * (0,10 * HSAC + 0,30 * LPOI + 0,30 * PPOI + 0, 30 * LAIS)**	mauvais	bon
MUSCULATURE	**MU = 1,164 * (0,25 * DESS + 0,25 * FILE + 0,50 * CULO)**	mauvais	bon
APLOMBS	**AP = 1,259 * (0,23 * ANJA + 0,16 * QUAR + 0,11 * ANPI + 0,30 * PARA + 0,20 * LOCO)**	mauvais	bon
MORPHO	**MO = 1,650 * (0,15 * MU + 0,15 * FO + 0,45 * MA + 0,25 * AP)**	mauvais	bon

TABLEAU DES HERITABILITES (h^2) POUR LES INDEX MORPHOLOGIQUES EN RACE NORMANDE (56)

	h^2	Caractère	< 100	> 100
HSAC	0.66	Hauteur au SACrum Mesure	petite	grande
LPOI	0.26	Largeur de POItrine Mesure	étroite	large
PPOI	0.55	Profondeur de POItrine Mesure	faible	importante
LAIS	0.47	LArgeur aux ISchions Mesure	étroit	large
INBA	0.36	INclinaison BAssin	renversé	incliné
ANJA	0.20	ANgle du JArret	coudé	droit
APAR	0.20	APlombs ARrière	mauvais	bons
DESS	0.31	DESSus		
FILE	0.24	FILEt		
CULO	0.29	CULOtte		
ATAV	0.28	ATtache AVant	courte	longue
ATAR	0.18	ATtache ARrière	basse	haute
EQUI	0.27	EQUIlibre	quartiers arrière bas	quartiers arrière hauts
ORTR	0.35	ORientation des TRayons	externe	interne
ECTR	0.38	ECart des TRayons	large	étroit
LIGA	0.33	LIGAment	absent	marqué
DPLJ	0.31	Distance PLancher Jarret	plancher bas	plancher haut
VTRA	0.25	Vitesse de TRAite	lente	rapide
ETEN	0.15	ETat d'ENgraissement		
RECT	0.10	RECTitude		
QUAR	0.22	QUalité de l'ARrticulation		
ANPI	0.14	ANgle du PIed		
PARA	0.15	PARAllélisme		
LOCO	0.11	LOCOmotion		
TEMP	0.16	TEMPérament	nerveux	docile

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ELIANCE)
Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Elevage sous la responsabilité des Organismes de Sélection.

IDELE UMT eBis GenEval

ANNEXE 3g: Synthèses et Héritabilités des index morphologiques en race Vosgienne (57)

Ce tableau présente les index composites pour les caractéristiques générales de morphologie. Ils synthétisent des index élémentaires selon les objectifs raciaux de sélection morphologique.

	Synthèses des index morphologiques race Vosgienne (57)	< 100	> 100
MORPHO	**MO = 1,8 * (0,40 * MAME + 0,20 * APTB + 0,15 * CORP + 0,15 * APLO + 0,1 * BASS)**	mauvais	bon

TABLEAU DES HERITABILITES (H^2) POUR LES INDEX MORPHOLOGIQUES EN RACE VOSGIENNE (57)

	h^2	Caractère	< 100	> 100
VTRA	0.18	Vitesse de TRaite	lente	rapide
TEMP	0.29	TEMPérament	difficile	facile
AVMA	0.21	AVant MAin	plate	rebondie
FILT	0.26	FILeT	plat	rebondi
ARMA	0.21	ARrière MAin	plat	rebondi
CULO	0.19	CULOtte	plate	rebondie
INBA	0.45	Inclinaison bassin	incliné	renversé
ANJA	0.14	ANgle du JArret	droit	coudé
EPTA	0.25	Epaisseur talon	mince	épais
ATAV	0.31	ATtache AVant	courte	longue
EQUI	0.25	EQUilibre	quartiers arrière bas	quartiers arrière hauts
PLJA	0.35	Distance PLancher JArret	plancher bas	plancher haut
ATAR	0.15	ATtache ARrière mamelle	basse	haute
ORTR	0.18	ORientation des TRayons	externe	interne
ECAV	0.30	ECart trayons AVant	écartés	serrés
SUPO	0.29	Ligaments de la mamelle	peu marqué	marqué
LGTR	0.47	LonGueur des TRayons	longs	courts
FOTR	0.31	FOrme des TRayons	fins	gros
HSAM	0.67	Hauteur sacrum Mesure	petit	grand
PPOM	0.46	Profondeur de POitrine Mesure	faible	importante
PFLM	0.69	Profondeur de FLanc Mesure	faible	importante
LOBM	0.41	LOngueur Bassin Mesure	court	long
LABM	0.41	LArgeur aux hanches (Bassin) Mesure	étroite	large
CORP	0.46	CORPs - Appreciation	mauvais	bon
BASS	0.50	BASSin - Appreciation	mauvais	bon
APLO	0.20	APLOmbs - Appreciation	mauvais	bon
MAME	0.39	MAMElle - Appreciation	mauvaise	bonne
APTB	0.24	APTitude Bouchère - Appreciation	mauvaise	bonne

ANNEXE 3h: Synthèses et Héritabilités des index morphologiques en race Prim'Holstein (66)

Ce tableau présente les index composites pour les caractéristiques générales de morphologie. Ils synthétisent des index élémentaires selon les objectifs raciaux de sélection morphologique. Les deux rameaux (19 et 66) ont la même définition.

	Synthèses des index morphologiques race Prim Holstein (66)	< 100	> 100
MAMELLE	**MA = 2,46 * (0,05 * PSIL + 0,10 * DPLJ – 0,10 * |EQUAA| - 0,10 * |ECAV| - 0,15 * |IMPA| + 0,15 * LGTR + 0,20 * ATTA + 0,15 * HATA) + 0,8**	mauvais	bon
CC	**CC = 1,2844 * (0,30 * LPOI + 0,40 * PCOR + 0,30 * LISC)**	mauvais	bon
MEMBRES	**ME = 1,27 * (0,40 * LOCO + 0,30 * MAVA + 0,20 * ANPI - 0,10 * |ANJA|) + 0,1**	mauvais	bon
MEMBRES1	**ME1 = 1 * (0,85 * LOCO + 0,25 * ANPI - 0,09 * |ANJA|) + 0,075**	mauvais	bon
MORPHO	**MO = 2,01 * (0,40 * MA + 0,10 * LISC - 0,10 * HSAC + 0,40 * ME)**	mauvais	bon
MORPHO1	**MO1 = 2,01 * (0,40 * MA + 0,10 * LISC - 0,10 * HSAC + 0,40 * ME1)**	mauvais	bon

Cas des membres :

Si - pour les femelles, la performance « membres arrière en vue arrière » a été collectée et est connue
- pour les mâles, nombre de filles avec MAVA >28 alors la synthèse calculée sera ME

alors, la synthèse membres prise en compte sera ME.

Sinon, ce sera ME1.

Cas de la morpho :

Si ME connue, **alors** MO calculée. **Si** c'est ME1 qui a été calculée, **alors** synthèse MO1 utilisée.

Les postes Ecart Avant, Implantation Arrière et Equilibre avant arrière pour la synthèse Mamelle et le poste Angle Jarret pour la synthèse Membres sont désormais prises en compte sous forme de valeur absolue car ce sont des postes à optimum intermédiaires. Le but n'est pas de faire tendre les notes vers les extrémités mais de les conserver vers une note moyenne optimale.

TABLEAU DES HERITABILITES (h^2) POUR LES INDEX MORPHOLOGIQUES EN RACE PRIM'HOLSTEIN (66)

	h^2	Caractère	< 100	> 100
VTRA	0.20	Vitesse de TRAite	lente	rapide
PSIL	0.23	Profondeur de SILlon	faible	forte
DPLJ	0.36	Distance PLancher Jarret	plancher bas	plancher haut
EQAA	0.22	EQuilibre Avant Arrière des trayons	quartiers arrière bas	quartiers arrière hauts
ECAV	0.35	ECart AVant des trayons	large	étroit
IMPA	0.29	IMPlantation Arrière des trayons	externe	interne
LGTR	0.39	LonGueur des TRayons	courts	longs
HSAC	0.51	Hauteur au SACrum	petit	grand
TEMP	0.15	TEMPérament	nerveux	docile
ATTA	0.25	ATtache AVant	courte	longue
INBA	0.33	INclinaison du BAssin	renversé	fuyant
ANJA	0.15	ANgle du JArret	droit	coudé
HATA	0.21	HAuteur ATtache arrière	basse	haute
LPOI	0.19	Largeur de POItrine	étroite	large
PCOR	0.36	Profondeur de CORps	faible	grande
ASPE	0.28	ASPEct	grossier	anguleux
LISC	0.31	Largeur aux ISChions	étroite	large
LOCO	0.10	Locomotion	difficile	aisée
MAVA	0.10	Membres ARrière Vue ARrière	panards	parallèles
ANPI	0.10	Angle du Pied	fermé	ouvert
ETCO	0.24	Etat Corporel	maigre	enrobée

Méthodes d'évaluation développées par l'UMT eBIS (partenariat INRAe, IDELE et ELIANCE)
Index calculés par GenEval et publiés par l'Institut de l'Elevage sous la responsabilité des Organismes de Sélection.

IDELE UMT eBis GenEval