

**Analyse et implantation de mises à jour importantes et des nouveaux indices du programme d'évaluation génétique GenOvis développés à l'Université de Guelph (CGIL) au sein des utilisateurs par un accompagnement transitionnel de ceux-ci. (16-4-32)**

**RAPPORT FINAL**

**Requérant :**

Société des éleveurs de moutons de race pure du Québec (SEMRPQ)

**Organismes partenaires :**

Centre d'expertise en production ovine du Québec (CEPOQ)

Center for genetic improvement of livestock (CGIL)

Société canadienne des éleveurs de moutons (SCEM)

**Rédigé par :**

Frédéric Fortin, agr., M. Sc , Généticien (CEPOQ)

Léda Villeneuve, agr., M. Sc., Coresponsable de la R&D (CEPOQ)

Amélie St-Pierre, tsa, Saisie de données du programme GenOvis (CEPOQ)

**Projets réalisés dans le cadre du**

*« Programme de développement sectoriel -Volet 4 : Appui aux projets des associations et regroupements de producteurs » issu de l'accord Cultivons l'avenir 2 conclu entre le ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec et Agriculture et Agroalimentaire Canada.*

NOVEMBRE 2017



## REMERCIEMENTS

---

Toute l'équipe du projet tient à remercier sincèrement toutes les personnes qui se sont impliquées dans ce projet.

D'abord, nous tenons à remercier l'équipe de CGIL qui a développé le nouveau programme d'évaluation génétique GenOvis. Ils ont réalisé un excellent travail dans le développement du programme, des modifications dans l'interface Web pour afficher les nouvelles données génétiques et de la mise à jour des différents rapports disponibles.

L'équipe tient également à remercier Mme Mélanie Larochelle, en poste comme généticienne du CEPOQ au début de ce projet. Puis, M. Frédéric Fortin, généticien au CEPOQ et Amélie St-Pierre, tsa, responsable de la saisie du programme GenOvis, pour les analyses réalisées dans le cadre de ce projet et le soutien à la clientèle.

Nous soulignons également le travail réalisé par tous les membres du Comité génétique qui ont été consultés sur les développements du nouveau programme GenOvis afin de donner leurs recommandations.

Enfin, merci à nos organisations partenaires (CEPOQ, CGIL, SCEM) d'avoir mené à terme ce projet, ainsi qu'au Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation d'avoir financé ce projet.

## Table des matières

1	Mise en situation .....	5
2	Objectifs du projet.....	5
3	Faits saillants du projet.....	6
4	Résultats significatifs pour l'industrie .....	7
5	Méthodologie .....	7
5.1	Stratégies de communication mises en place / indicateurs de performances .....	7
5.2	Travail de validation des changements de valeur génétique .....	10
6	Résultats et discussions.....	12
6.1	Les races à petits effectifs .....	13
6.2	Des poids de naissance manquants.....	15
6.3	Une bonne saisie des biberons et des adoptions.....	16
6.4	Différences de performance entre le sujet et les apparentés (les paramètres génétiques).....	17
6.5	Un faible nombre ou une mauvaise répartition de l'utilisation des béliers.....	18
7	Conclusion .....	19
8	Conciliation des dépenses .....	19
	Annexe A. Résultats des analyses pour les troupeaux par race.....	20
	Annexe B. Résultats d'analyses pour les regroupements de races.....	54
	Annexe C. Résultats d'analyses pour les béliers.....	59
	Annexe D. Communication générale transmise à tous les utilisateurs du programme GenOvis le 4 novembre 2016, avant la mise en ligne du nouveau programme génétique .....	115
	Annexe E. Résultats des analyses pour chacune des races, au sein des troupeaux de nos utilisateurs et communications spécialisées réalisées dans le cadre du projet.....	118
	Annexe F. Vulgarisation en lien avec le projet .....	125

## Liste des tableaux

Tableau 1. Nouveaux regroupements de races – depuis novembre 2016.....	14
Tableau 2. Moyenne des poids naissance en fonction des nouveaux regroupements de races – depuis novembre 2016.....	15
Tableau 3. Estimation des héritabilités de l’ancien et nouveau programme pour certains caractères du programme GenOvis.....	18
Tableau 4. Différentiel, en rang centile, par race des indices Carcasse et IST. ....	21
Tableau 5. Différentiel, en rang centile, par race des indices génétiques GAIN et ISC. ....	29
Tableau 6. Différentiel, en rang centile, par race des indices génétiques MAT-HP et ISM.....	37
Tableau 7. Différentiel, en rang centile, par race des indices génétiques MAT-UHP et ISM+ .....	45
Tableau 8. Différentiel, en rang centile, par groupe de races des indices CARC et IST.....	55
Tableau 9. Différentiel, en rang centile, par groupe de races des indices GAIN et ISC.....	56
Tableau 10. Différentiel, en rang centile, par groupe de races des indices MAT-HP et ISM. ....	57
Tableau 11. Différentiel, en rang centile, par groupe de races des indices MAT-UHP et ISM+....	58
Tableau 12. Différentiel, en rang centile, par bélier des indices CARC et IST. ....	60
Tableau 13. Différentiel, en rang centile, par bélier des indices GAIN et ISC. ....	73
Tableau 14. Différentiel, en rang centile, par bélier des indices MAT-HP et ISM. ....	87
Tableau 15. Différentiel, en rang centile, par bélier des indices MAT-UHP et ISM+. ....	101
Tableau 16. Différentiel, en rang centile, par race par troupeau.....	119
Tableau 17. Tableau des communications spécialisées effectuées en cours de projet.....	123

## 1 MISE EN SITUATION

*Au cours des dernières années, le Centre d'expertise en production ovine du Québec (CEPOQ) et ses partenaires ont mis à la disposition des producteurs ovins canadiens le programme d'évaluation génétique GenOvis. De nombreux développements et mises à jour y ont été apportés au fil du temps afin de s'assurer que la modélisation du programme soit toujours adaptée aux besoins des marchés canadiens. Notons, entre autres, l'intégration des mesures aux ultrasons en 2005 dans le programme, qui a conduit à la mise en place d'un indice de sélection terminal basé sur les caractéristiques de la carcasse. De plus, parmi les efforts déployés par le CEPOQ et ses partenaires, notons aussi la mise en place d'un carnet électronique et la modernisation d'autres outils pour faciliter la collecte des données et le transfert direct des données vers la base Web de GenOvis, permettant ainsi une économie de temps pour les producteurs et une diminution des risques d'erreurs. Les options pour compiler les données à la ferme sont relativement nombreuses et le CEPOQ peut accompagner les utilisateurs avec l'une ou l'autre des solutions proposées. Par ailleurs, la mise en place de la base Web, en 2011, est un moyen supplémentaire pour les producteurs d'importer leurs données directement et d'exporter divers rapports selon leurs besoins. Toujours en 2011, avec l'arrivée de la base Web, un module d'accouplements a été développé, un outil de sélection puissant qui permet aux éleveurs de cibler les meilleurs sujets à accoupler pour obtenir une descendance génétiquement améliorée.*

*Tous programmes d'évaluation génétique se doivent d'être en évolution constante afin de s'assurer que les réponses obtenues par la sélection répondent aux besoins du marché qui évoluent. De nouveaux caractères s'ajoutent, la taille de la population change, les corrélations entre les caractères évoluent en fonction de la sélection réalisée dans le passé, etc. Ainsi, la mise en application d'un nouveau programme génétique GenOvis a été réalisée le 7 novembre 2016. **Deux principaux changements ont été appliqués soient : l'amélioration du programme d'évaluation génétique et la mise en place de 6 nouveaux indices de sélection.***

## 2 OBJECTIFS DU PROJET

Mettre à jour les indices génétiques en choisissant le scénario qui permettra aux producteurs d'atteindre leurs objectifs d'amélioration en fonction des besoins du marché et améliorer le programme GenOvis pour le bien des utilisateurs:

- a) Monter, proposer et analyser différents scénarios pour les nouveaux indices;
- b) Valider les nouveaux indices chez des producteurs utilisateurs de GenOvis;
- c) Implanter les nouveaux indices et accompagner les producteurs à la sélection avec les nouveaux indices;
- d) Mettre à jour le module d'accouplement optimal suite à la mise en place des nouveaux indices et les interfaces du carnet électronique GenOvis concernés par les changements;
- e) Vulgariser et diffuser l'information concernant les améliorations du programme GenOvis afin d'appuyer les utilisateurs;

- f) Analyser les variations entre les indices actuels et la mise en place des nouveaux indices de tous les utilisateurs GenOvis et cibler les troupeaux qui subiront des variations importantes et accompagner ces producteurs.

### 3 FAITS SAILLANTS DU PROJET

Le 7 novembre 2016, les utilisateurs du programme GenOvis avaient accès non seulement à un programme génétique amélioré, mais également à tous les outils adaptés à ce nouveau programme.

- La transition entre les deux programmes génétiques s'est bien déroulée.

Les utilisateurs sont satisfaits du nouveau programme sur lequel ils peuvent compter pour les appuyer dans la sélection de leurs sujets reproducteurs. Ils ont également apprécié l'accompagnement réalisé par l'équipe génétique du CEPOQ lors de cette transition (communications et disponibilité).

- Le changement de programme n'a pas affecté le niveau de confiance des utilisateurs envers GenOvis

En effet, le taux de participation au programme s'est maintenu malgré la fermeture de plusieurs entreprises. Une perte de confiance envers le programme GenOvis aurait résulté par une diminution de la participation.

- Les utilisateurs sont parvenus à bien s'adapter aux nouvelles valeurs génétiques

Les valeurs génétiques du nouveau programme ne sont pas comparables à celles de l'ancien programme. En plus de l'arrivée de nouveaux caractères évalués, notons que les indices de sélection génétiques ont été remplacés par des nouveaux indices mieux adaptés aux besoins exprimés par les utilisateurs.

- Les utilisateurs sont davantage intéressés à comprendre les valeurs génétiques générées par le programme génétique.

Le bon taux de participation aux webinaires portant sur les changements à venir dans le nouveau programme GenOvis et la formation en salle reflète le besoin des utilisateurs à mieux comprendre les valeurs générées par le programme GenOvis. En ayant une meilleure compréhension du programme, ceux-ci seront mieux outillés pour prendre les meilleures décisions de sélection au sein de leur entreprise.

- Les articles de vulgarisation réalisés dans le cadre de ce projet sont de bons outils pour la transmission d'information sur le fonctionnement du programme GenOvis et la compréhension des nouvelles valeurs génétiques.

## 4 RÉSULTATS SIGNIFICATIFS POUR L'INDUSTRIE

Les utilisateurs du programme GenOvis ont maintenant accès un programme plus performant et mieux adapté à la réalité d'aujourd'hui. Plusieurs utilisateurs ont rapporté que le nouveau classement de leurs animaux, sous le nouveau programme, est plus représentatif de leurs observations en bergerie et ont augmenté leur confiance dans la fiabilité des valeurs génétiques générées par le programme GenOvis. En permettant une meilleure sélection des sujets les plus performants et plus rentables, le nouveau programme augmente le niveau de confiance des utilisateurs envers les données génétiques.

De plus, notons un intérêt grandissant dans le programme génétique avec la venue de nouveaux utilisateurs tant au Québec que dans les autres provinces canadiennes. Plus il y aura d'éleveurs et de producteurs ovins qui utiliseront GenOvis, plus le programme sera précis pour attribuer les valeurs génétiques aux animaux, et plus les utilisateurs parviendront à améliorer la qualité génétique de leurs animaux.

## 5 MÉTHODOLOGIE

### 5.1 Stratégies de communication mises en place / indicateurs de performances

Voici les stratégies de communication utilisées pour expliquer les changements apportés au programme GenOvis et les 6 nouveaux indices de sélection. Des liens web vers la plupart des éléments ont été insérés. Il suffit de cliquer sur les liens. Les articles de vulgarisation et les Options GenOvis sont aussi présentés à l'annexe F.

Toutes ces activités de diffusion et de formation sont étroitement liées à la mise à jour du programme GenOvis. Pour chacune des formations, **le nombre de participants** a été indiqués (représente les indicateurs de performances tel que décrit dans la lettre de condition) :

**Trois articles de vulgarisation** ont été publiés dans l'**Ovin Québec (plus de 1000 exemplaires)** et envoyés aux utilisateurs du programme. Ces articles ont également été traduits en anglais pour nos utilisateurs anglophones. [Ils sont tous disponibles sur le site Internet de GenOvis, dans la section GenOvis amélioré.](#) Les articles anglophones sont également disponibles sur le site web de l'Ontario Sheep Farmers.

- [2016, une année riche en améliorations pour le programme d'évaluation génétique canadien GenOvis – Printemps 2016](#)
- [Des indices de sélection mieux adaptés aux éleveurs – Automne 2016](#)
- [Un grand pas en avant pour le programme GenOvis – Hiver 2017](#)
  
- [2016, A Year of Improvement For GenOvis, Canada's Genetic Evaluation Program](#)

- [GenOvis : New Program Bring New Questions](#) (également publié dans le Sheep Canada – Summer 2017)
- [Selection indexes best suited for breeders – Automne 2016](#) (également publié dans le Sheep Canada – Winter 2017)

Le **webinaire *Des indices de sélection pour de meilleurs choix génétiques*** traitant des nouveaux indices et des nouveautés au programme GenOvis a été offert gratuitement deux fois en français soient les 27 octobre et 10 novembre (**près de 50 participants** y ont assisté au total).

Le **webinaire *Updated Indexes: Improved Genetic Selection*** est la traduction anglaise du webinaire offert en français. Ce webinaire a été offert gratuitement le 10 novembre. Une **quinzaine de producteurs** y ont participé.

Les webinaires sont maintenant disponibles sur Youtube.

Partie 1 : <https://www.youtube.com/watch?v=Cxu6I4LHufM>

Partie 2 : [https://www.youtube.com/watch?v=olW\\_j9UfezU](https://www.youtube.com/watch?v=olW_j9UfezU)

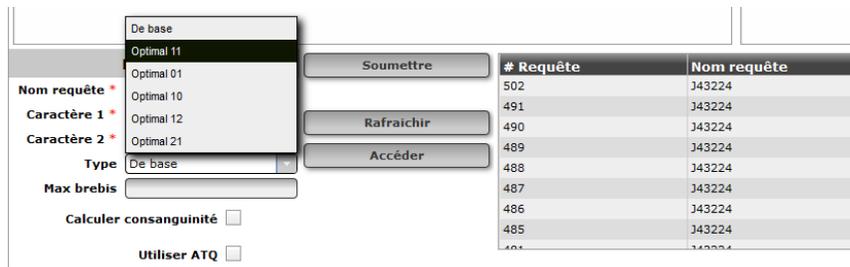
Les **fiches techniques ont été mises à jour** sur le site GenOvis avant la mise en ligne du programme. Les utilisateurs ont donc accès à la composition des différents indices de sélection génétique. De nouvelles fiches techniques ont également été développées pour aider les éleveurs-sélectionneurs et les producteurs commerciaux à s’y retrouver avec tous les nouveaux indices disponibles. Ces fiches ont été transmises aux utilisateurs et ont également été publiées dans l’Ovin Québec. [Une section spéciale traitant du nouveau programme GenOvis](#) a été créée sur notre site Web pour regrouper toutes les informations relatives au changement de programme.

Le **calendrier des calculs de pesées** a également été mise à jour pour l’adapter aux nouvelles fenêtres de pesées allouées.

Les **listes de génétique supérieure et de béliers améliorateurs** ont été mises à jour.

Un **Option-Genovis** a été publié à l’automne 2016 (en [français](#) et en [anglais](#)), pour expliquer les nouveaux caractères utilisés dans le nouveau programme génétique à venir ainsi que les principales différences entre les indices génétiques utilisés par les membres GenOvis et les nouveaux indices à venir.

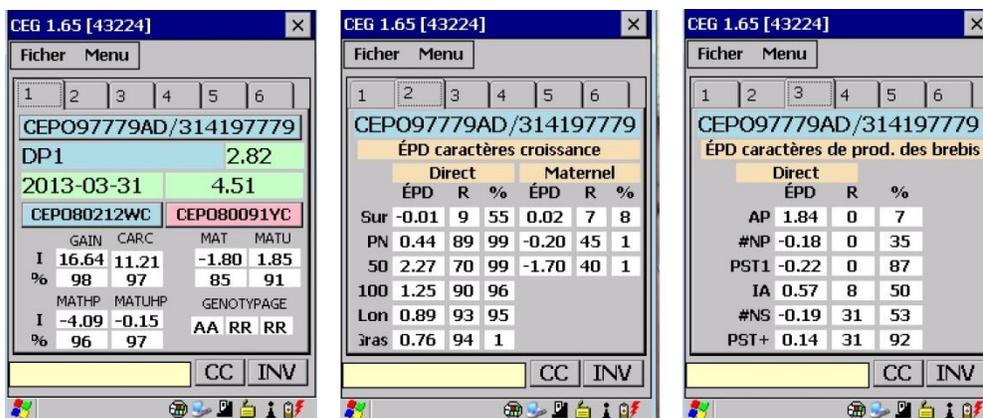
En ce qui a trait à la **version optimale du module d’accouplements**, une seconde édition de l’Option-GenOvis a été publiée (en [français](#) et en [anglais](#)), à l’automne 2017, pour expliquer aux utilisateurs comment utiliser le module d’accouplements suite à la mise en place de la version optimale de cet outil.



Une **communication générale** a été envoyée à **tous les utilisateurs** le 4 novembre 2016 afin de les informer des principaux changements apportés au programme génétique. (Voir annexe D)

Des **communications personnalisées** ont été acheminées aux utilisateurs dont les animaux ont connu des variations génétiques plus importantes. (Environ **20 utilisateurs**) (voir annexe E, tableaux 16 et 17). Ces utilisateurs ont donc reçu un accompagnement étroit suite aux améliorations du programme.

La **mise à jour des fenêtres d'information génétique** dans le **carnet électronique GenOvis** a été effectuée au début du mois de novembre 2016.



Une **présentation en salle** du nouveau programme GenOvis a été offerte aux utilisateurs du programme et différents intervenants ovins en avril 2017. **23 participants** y ont assisté et ont pu poser leurs questions au généticien du CEPOQ. Afin de rejoindre le plus d'utilisateurs possible avant la mise en place du nouveau programme, les webinaires ont été réalisés en premier à l'automne 2016 alors que la formation en salle a été offerte au printemps 2017.

L'**adhésion au programme GenOvis** est passée de 143 entreprises en 2016 à 142 en 2017, malgré que 9 entreprises participantes aient fermé leurs portes. Notons qu'**en 2017, ce sont 18 nouveaux adhérents qui se sont joints au programme GenOvis**. Pour 2018, déjà 8 nouveaux adhérents potentiels ont manifesté leur intérêt à participer au programme génétique.

## 5.2 Travail de validation des changements de valeur génétique

Un important travail de validation a été réalisé pour tous les utilisateurs du programme afin de lister ceux qui connaîtront des variations plus importantes au niveau du potentiel génétique de leurs sujets. Ainsi, une vingtaine d'éleveurs ont été directement contactés pour expliquer que leurs indices ont varié grandement et les raisons qui expliquent ces changements. Ci-dessous, vous trouverez la méthodologie pour identifier ces éleveurs ainsi que les explications sur ces changements. Ce rapport présente également une analyse des variations entre les anciens et nouveaux indices (rang centile) de tous les utilisateurs GenOvis afin de cibler les troupeaux qui ont subi une grande variation à la baisse, ce qui a permis de leur offrir un soutien particulier afin de bien expliquer les causes de ces variations et de les accompagner plus étroitement dans la mise en place de stratégies visant à augmenter leur niveau génétique

### **MÉTHODOLOGIE :**

L'analyse a été réalisée à partir de tous les sujets nés depuis 2012 dans la base de données GenOvis pour cibler des animaux actifs et relativement jeunes. L'analyse a été effectuée sur les ÉPD de tous les caractères, tous les indices et tous les rangs centiles (ÉPD et indices). Seuls les résultats sur les rangs centiles des indices GAIN, CARCASSE (CARC), MATERNELLE HAUSSE PROLIFICITÉ (MATHP) et MATERNELLE ULTRASON HAUSSE PROLIFICITÉ (MATUHP) seront présentés parce que ces résultats sont les plus pertinents et permettent d'avoir une quantité raisonnable de résultats. Les valeurs d'ÉPD et d'indices génétiques changent grandement entre l'ancien et le nouveau programme parce qu'il n'y a plus d'ajustement pour le regroupement de la race dans le nouveau modèle génétique et que la base de référence génétique fixe a été modifiée, passant de l'année 2000 à l'année 2010. L'analyse sur les rangs centiles permet de ne pas considérer ces changements puisque les rangs centiles sont calculés, dans l'ancien et le nouveau programme, à l'intérieur de chacun des groupes de races et à partir d'une base de référence génétique mobile de tous les sujets de la base de données. En d'autres termes, les éleveurs sont peu intéressés par les changements de valeurs brutes des ÉPD et indices entre l'ancien et le nouveau programme. Les éleveurs portent une attention particulière au classement de leurs sujets à l'intérieur du troupeau ou de la race et les rangs centiles permettent d'analyser les changements de position de l'animal à l'intérieur de la race entre l'ancien et le nouveau programme. En ce qui concerne les indices du nouveau programme MATERNELLE (MAT) et MATERNELLE ULTRASON (MATU), ils n'ont pas d'indice équivalent dans l'ancien programme. Le nombre d'indices a évolué de 4 à 6 de l'ancien au nouveau programme.

L'analyse consiste à soustraire pour chaque animal le rang centile du nouvel indice à celui de l'ancien indice :

- Différence rang indice **GAIN** = rang indice GAIN – rang indice ISC
- Différence rang indice **CARC** = rang indice CARC – rang indice IST
- Différence rang indice **MATHP** = rang indice MATHP – rang indice ISM
- Différence rang indice **MATUHP** = rang indice MATUHP – rang indice ISM+

Ainsi, une valeur positive signifie une augmentation du rang centile de l'indice entre l'ancien et le nouveau programme, tandis qu'une valeur négative signifie une diminution de ce rang centile. Plus la valeur est extrême, plus le changement est important. Une valeur près de zéro signifie que le changement est mineur.

Pour identifier les regroupements de races, les troupeaux ou encore les béliers qui ont beaucoup ou peu évolué entre l'ancien et le nouveau programme, des moyennes ont été calculées pour ces variables à partir des valeurs de différence de rang d'indice de chaque animal. Un tri en ordre croissant a été réalisé sur ces moyennes pour rapidement identifier les extrêmes des regroupements de race, de troupeaux ou encore des béliers. Les résultats ont été conservés pour les regroupements de races et les troupeaux ayant plus de 50 observations. Les résultats sur les béliers correspondent à la moyenne des valeurs calculées sur les descendants ce qui implique qu'un bélier doit avoir plus d'un descendant.

Un second travail de validation a été effectué pour cibler les troupeaux dont la moyenne des sujets reproducteurs subissait des variations plus importantes. Ainsi, les données génétiques des sujets reproducteurs en inventaire ont été comparées entre l'ancien programme et celui mis en place après le 7 novembre 2016. La même méthodologie d'analyse que celle décrite précédemment a été utilisée.

Pour chacun des utilisateurs canadiens du programme GenOvis, au sein de chacune des races ou des croisements de l'entreprise, un différentiel a été calculé entre les valeurs de rang centiles de l'ancien indice génétique vs les valeurs de rangs centiles du nouvel indice mis en place en novembre. Par la suite, une moyenne a été calculée pour chacune des races ou croisements de l'entreprise. Cela a permis de collecter les deux informations suivantes :

- Y a-t-il eu des variations importantes (négatives ou positives) sur la valeur moyenne en rang centile à l'intérieur des races du troupeau?
- Y a-t-il eu des variations importantes (négatives ou positives) sur la valeur génétique de plusieurs individus en rang centile?

Cela a permis de cibler les troupeaux dont les animaux, en moyenne, avaient subi les plus grandes variations et de valider, pour ceux dont les variations semblaient moins importantes en moyenne, si des sujets avaient subi d'importantes variations.

Dans le cadre du suivi auprès des éleveurs, une attention particulière a été portée à ceux qui ont évolué grandement à la baisse afin de bien expliquer les raisons qui expliquent cette baisse et d'aider les éleveurs dans la sélection des futurs sujets reproducteurs. Cette baisse de rangs centiles a été observée pour le troupeau, une race présente dans le troupeau ou encore un bélier du troupeau. Les éleveurs, ayant subi les plus grandes variations négatives au niveau de l'ensemble du troupeau ou dont plusieurs sujets avaient connu de grandes variations, ont été contactés personnellement par courriel pour les aviser de la situation avant la mise en ligne du programme. Tous les cas ont été soumis à M. Frédéric Fortin, généticien, afin qu'il procède à une analyse de la situation et détermine la cause des fluctuations rencontrées. Par la suite, un rapport personnalisé a été envoyé aux éleveurs concernés pour leur expliquer la source des fluctuations vécues et leur émettre des recommandations. M. Fortin a également été disponible pour répondre à toutes les questions des utilisateurs.

## 6 RÉSULTATS ET DISCUSSIONS

Les annexes A, B et C présentent les résultats des analyses pour les troupeaux-races, les regroupements de races et les béliers. Des numéros fictifs ont été utilisés pour les troupeaux afin de préserver la confidentialité des données.

Les résultats présentés en annexe ont permis d'identifier les troupeaux à contacter pour les aviser de changements plus importants entre l'ancien et le nouveau programme. Les troupeaux avec une diminution de plus de 10 points d'indice en moyenne ont été ciblés pour une analyse plus détaillée des changements des valeurs d'indice. Suite à cette analyse détaillée, environ 20 troupeaux ont été contactés avec un message personnalisé pour expliquer les variations en indice.

Les principales raisons associées à des variations importantes dans les rangs centiles des indices entre l'ancien et le nouveau programme génétique

1. Les races à petits effectifs (regroupements de races)
2. Des poids de naissance manquants (poids de naissance)
3. Une bonne saisie des biberons et des adoptions
4. Différences de performance entre le sujet et les apparentés (Les paramètres génétiques)
5. Un faible nombre ou une mauvaise répartition de l'utilisation des béliers

## 6.1 Les races à petits effectifs

Les rangs centiles des valeurs génétiques (ÉPD et indices) sont calculés à l'intérieur de chacun des regroupements de races. Selon Wikipédia, en statistique descriptive, un centile est chacune des 99 valeurs qui divisent les données triées en 100 parts égales, de sorte que chaque partie représente 1/100 de l'échantillon de population. Ainsi, les rangs centiles des indices ou ÉPD à l'intérieur d'un regroupement de race sont attribués de 99 à 1, 99 étant la valeur la plus favorable et 1 étant la valeur la plus défavorable. Les regroupements de races ont été modifiés entre l'ancien et le nouveau programme pour permettre un plus grand nombre de regroupements de races et un meilleur regroupement des races selon les performances. Les performances considérées sont le nombre d'agneaux nés et le poids à 50 jours. Le nombre minimal d'animaux pour considérer une seule race dans un regroupement de races est arbitraire, les performances et les races à petits effectifs pouvant influencer le choix des regroupements. Ainsi, le nouveau programme offre 25 regroupements de races tandis que l'ancien en avait seulement 15. Parmi les 25 regroupements de races, 11 sont des groupes avec une seule race et 14 regroupent plus d'une race. Le tableau 1 de la page suivante présente les 25 regroupements de races du nouveau programme.

Les principaux changements au niveau des rangs centiles entre l'ancien et le nouveau programme concernent le regroupement 21. Les 4 races (BL, BM, CF et BC) étaient dans des regroupements différents dans l'ancien programme. Selon les différents ÉPD et indices, le nouveau regroupement amène des nouvelles comparaisons des potentiels génétiques, pour certaines races et caractères parfois à la hausse et pour d'autres à la baisse, mais, en général, engendre beaucoup de fluctuation dans les rangs centiles.

Nous pouvons aussi souligner qu'il y a 6 races qui étaient regroupées avec d'autres races dans l'ancien programme et qu'elles sont maintenant seules dans leur regroupement de race. Ces nouveaux regroupements permettent de calculer des centiles à l'intérieur de la race et donnent l'avantage de comparer uniquement les valeurs génétiques des animaux de la race. Par contre, pour les races étant supérieures au niveau génétique dans l'ancien regroupement de race, les rangs centiles baissent puisque les animaux sont maintenant comparés dans le nouveau programme à l'intérieur de leur race.

Tableau 1. Nouveaux regroupements de races – depuis novembre 2016

Nouveaux groupes de races - 2016

Code	Race	Groupe	Code	Race	Groupe
RI	Arcott Rideau	1	BD	Babydoll	23
DP	Dorset (sans cornes)	2	BW	Black Welsh Mountain Sheep	23
DH	Dorset (à cornes)	2	XS	Croisement (petit)	23
SU	Suffolk	3	DL	DLS (GenOvis)	23
PO	Polypay	4	MM	Merino à cornes	23
CD	Arcott Canadien	5	MP	Merino sans cornes	23
HA	Hampshire	6	SL	Shetland	23
NC	North Country Cheviot	7	SY	Soay	23
RV	Romanov	8	BF	Blue faced Leicester	24
XX	Croisement inconnu	9	BO	Booroola	24
ZZ	ZZ (GenOvis)	9	CP	Coopworth	24
CR	Corriedale	10	XM	Croisement (moyen)	24
IF	Ile de France	11	EL	English Leicester	24
EF	East Friesian	12	HL	Hexam Leicester	24
CO	Charollais	13	HY	Hybride	24
OX	Oxford	14	JA	Jacob	24
SH	Shropshire	14	KK	Karakul	24
SO	Southdown	14	KH	Kerry Hill	24
OU	Arcott Outaouais	15	CU	Lacaune	24
XB	Croisement connu	15	MO	Montdale	24
FN	Finnois Landrace	16	NF	Newfoundland	24
LY	Barbados Black Belly	16	PE	Perendale	24
IL	Icelandic	17	RT	Romnelet	24
KA	Katahdin	18	SB	Scottish Blackface	24
DO	Dorper	19	SX	Ste-Croix	24
TU	Tunis	19	TA	Targhee	24
TX	Texel	20	DC	Berrichon du Cher	25
WD	Dorper blanc	20	CL	Columbia	25
BC	Border Cheviot	21	CW	Cotswold	25
BL	Border Leicester	21	XL	Croisement (grand)	25
CF	Clun Forest	21	LN	Lincoln	25
BM	British Milk Sheep	21	RA	Rambouillet	25
RO	Rouge de l'Ouest	22			
RY	Romney	22			

## 6.2 Des poids de naissance manquants

Dans l'ancien programme, lorsque le poids à la naissance n'était pas mesuré par un éleveur dans la base de données, une valeur de 4 kg était considérée pour calculer le poids ajusté au sevrage (poids ajusté à 50 jours). Une amélioration apportée dans le nouveau programme est de considérer des poids selon la moyenne des races au lieu d'utiliser un poids moyen de 4 kg. Vous trouverez ci-dessous, le poids moyen utilisé dans le nouveau programme selon les différents groupes de race. Vous comprenez que les éleveurs qui effectuent un bon travail de sélection et qui saisissent tous les poids à la naissance n'ont pas été concernés par ce changement. Par contre, les éleveurs qui ne saisissent pas les poids à la naissance (ou en partie) ont été affectés, surtout pour les races avec des poids de naissance différents de 4 kg. Il est donc fortement recommandé de saisir les poids de naissance pour améliorer la précision des évaluations génétiques pour le poids au sevrage (poids 50 jours), mais aussi pour obtenir des valeurs génétiques du poids à la naissance.

**Tableau 2. Moyenne des poids naissance en fonction des nouveaux regroupements de races – depuis novembre 2016**

Groupe de race	Moyenne poids naissance
1	3,7
2	4,5
3	4,9
4	4,1
5	5
6	4,7
7	4,8
8	2,8
9	4,2

Groupe de race	Moyenne poids naissance
10	4,6
11	4,2
12	4,2
13	4,9
14	4,3
15	3,3
16	2,8
17	3,8
18	4

Groupe de race	Moyenne poids naissance
19	4,2
20	4,6
21	4
22	4,6
23	3,9
24	4,1
25	4,6

## 6.3 Une bonne saisie des biberons et des adoptions

Dans le nouveau programme génétique, chaque agneau peut avoir jusqu'à trois mères différentes pouvant contribuer à leur croissance.

### **La mère génétique**

La première mère est la mère génétique de l'animal. C'est la mère qui a contribué à la moitié de l'ADN de l'animal et qui est à l'origine de l'embryon. La mère génétique doit être enregistrée dans la base de données GenOvis lorsqu'il y a un transfert d'embryon.

### **La mère porteuse**

La mère porteuse est celle qui porte les embryons et donne naissance aux agneaux. Dans la majorité des cas, la mère porteuse sera la même que la mère génétique. Cependant, pour les éleveurs et producteurs qui utiliseront le transfert embryonnaire, la mère porteuse est souvent une femelle non apparentée.

### **La mère nourrice**

C'est la mère qui élève (allaite) l'agneau de la naissance au sevrage. La mère nourrice peut être la même que la mère génétique ou que la mère porteuse ou peut être une mère adoptive. Dans certains cas, la mère nourrice peut être une «bouteille». Tous les agneaux nourris à la bouteille doivent avoir le code B (Bottle Fed) indiqué dans la section nombre élevé du programme afin que cette condition soit considérée dans le modèle de calcul. Tous les agneaux qui ont reçu un allaitement mixte ont un code 3U dans la section commentaire. Ces agneaux auront un code B attribué dans la section nombre élevé afin que ces derniers soient considérés comme ayant une mère nourrice = bouteille.

### LA MODÉLISATION EN FONCTION DES TROIS MÈRES :

Biologiquement la mère porteuse a une influence sur la survie et le poids à la naissance. La mère nourrice a une influence principalement sur le poids à 50 jours, alors que la mère génétique a une influence sur tous ces caractères.

Dans l'ancien programme génétique, les trois mères sont le même individu, soit la mère génétique. Aucune distinction n'était faite sur la contribution d'une mère nourrice ou adoptive au poids de sevrage (poids 50 jours) ou encore de l'utilisation de biberons.

Le nouveau programme permet de différencier les trois mères et de considérer la contribution de celles-ci lors de l'estimation des valeurs génétiques. Ainsi, un éleveur qui utilise beaucoup les biberons et les adoptions dans sa régie d'élevage, et dont les données sont bien saisies dans GenOvis, a observé un certain ajustement des valeurs génétiques, principalement pour l'ÉPD poids 50 jours maternel et direct. Le nouveau programme génétique attribue correctement le mérite du poids au sevrage à la mère biologique, à la mère nourrice (adoptive) ou encore à l'utilisation des biberons. Cette bonne attribution du mérite va influencer l'estimation de l'ÉPD poids 50 jours maternel, une caractéristique de la mère qui correspond à la capacité d'une femelle à sevrer des agneaux lourds et de l'ÉPD poids 50 jours direct, une caractéristique de l'agneau, qui correspond au potentiel génétique de l'agneau à croître rapidement jusqu'au sevrage.

Cette amélioration du programme est différente des autres décrites, car de bonnes pratiques d'élevage, c'est-à-dire une utilisation et une bonne déclaration des biberons et adoptions, engendrent des variations plus grandes au niveau des valeurs génétiques entre l'ancien et le nouveau programme. Par contre, toutes les données historiques d'adoption et de biberons sont considérées dans le nouveau programme et l'éleveur qui a réalisé une bonne saisie de ces adoptions et biberons bénéficie aujourd'hui de meilleures valeurs génétiques. De plus, l'amélioration du programme va permettre de promouvoir l'utilisation de biberons et d'adoption sans compromettre une bonne estimation des ÉPD 50 jours direct et maternel ainsi que les autres caractères par corrélations génétiques.

## 6.4 Différences de performance entre le sujet et les apparentés (les paramètres génétiques)

De façon simplifiée, les paramètres génétiques permettent de déterminer l'importance qu'on accorde aux performances d'un sujet versus les performances de ses apparentés (père, mère, frères, sœurs, descendants, etc.) ainsi que l'influence des performances pour les autres caractères. Un éleveur qui a une bonne régie d'élevage avec un environnement contrôlé et une régie stable d'une année à l'autre va favoriser une cohérence entre les performances des parents et des descendants. Cette régie va également favoriser une bonne estimation des valeurs génétiques, car l'estimation du potentiel génétique va s'effectuer dans le même environnement.

Les paramètres génétiques ont été mis à jour pour le nouveau programme génétique, ce qui a changé l'importance qu'on accorde aux performances d'un individu versus les apparentés. L'héritabilité a été estimée à la baisse pour plusieurs caractères dans le nouveau programme.

Une estimation à la baisse de l'héritabilité dans le nouveau programme va faire en sorte qu'une emphase plus grande sera accordée aux performances des descendants, parents et collatéraux dans le nouveau programme comparativement à l'ancien programme. Les sujets qui ont, par exemple, obtenu une bonne performance de croissance pour le GAIN 50 à 100 jours, mais sans pour autant avoir des parents, collatéraux et descendants avec de bonnes performances, va voir son ÉPD GAIN 50-100 jours être réévalué à la baisse, puisque l'héritabilité est passée de 0,55 à 0,26 (voir tableau 3). L'estimation des corrélations génétiques va aussi créer sensiblement le même effet avec des liens génétiques plus grands ou plus faibles entre les caractères de l'ancien vers le nouveau programme. C'est ainsi que les troupeaux avec une régie plus uniforme et bien contrôlée ont observé de moins grands changements au niveau des valeurs génétiques.

**Tableau 3. Estimation des héritabilités de l'ancien et nouveau programme pour certains caractères du programme GenOvis**

	Héritabilité Ancien GenOvis	Héritabilité Nouveau GenOvis
Taux survie_direct	0,01	0,025
Poids naissance_direct	0,33	0,187
Poids 50j_direct	0,13	0,129
Gain 50 à 100 jours	0,55	0,257
Épaisseur longue (ultrasons)	0,63	0,608
Épaisseur gras (ultrasons)	0,71	0,408
Âge au 1 <sup>er</sup> agnelage	0,03	0,035
Intervalle agnelage	0,01	0,014
Nombre nés 1 <sup>er</sup> agnelage	0,33	0,092
Nombre nés agnelages suivants	0,34	0,079
Nombre sevrés 1 <sup>er</sup> agnelage	0,11	-
Nombre sevrés agnelages suivants	0,04	-
Total poids au sevrage 1 <sup>er</sup> agnelage	-	0,039
Total poids au sevrage agnelages suivants	-	0,036

## 6.5 Un faible nombre ou une mauvaise répartition de l'utilisation des béliers

À l'intérieur d'un troupeau et des races en sélection, le nombre de sujets reproducteurs est relativement faible et c'est d'autant plus vrai pour les béliers. Pour un bon travail de sélection, un minimum de 3 béliers doivent être utilisés pour les accouplements afin d'obtenir de bonnes valeurs génétiques. Le progrès génétique est largement influencé par ces béliers et les variations des valeurs génétiques des sujets du troupeau entre l'ancien et le nouveau programme vont également dépendre grandement des variations obtenues pour les valeurs de ces béliers. L'utilisation de plusieurs béliers combinée avec une bonne répartition pour les accouplements va réduire le risque de variations extrêmes au niveau des indices. Par exemple, si un bélier a de grandes variations de valeurs génétiques entre l'ancien et le nouveau programme, mais qu'il a engendré une faible proportion des descendants du troupeau, les conséquences seront faibles. Par contre, pour les troupeaux qui ont utilisé peu de béliers ou encore que certains béliers étaient surutilisés, le risque était plus grand d'observer de grandes variations d'indices. Ainsi, un faible nombre ou une mauvaise répartition de l'utilisation des béliers a expliqué des changements importants des valeurs génétiques pour certains troupeaux.

## 7 CONCLUSION

Ces analyses ont permis d'identifier les éleveurs qui ont subi les changements les plus importants entre l'ancien et le nouveau programme. Elles ont aussi permis de cibler les principales causes qui expliquent ces changements. À partir de ces informations, les éleveurs ont été avisés, avant la mise en place du nouveau programme GenOvis, qu'ils subiront des changements plus importants de leurs valeurs génétiques comparativement aux autres troupeaux. Il a été également possible de donner des explications et de justifier les changements qui seront observés lors de l'application du nouveau programme. Cette approche transparente et proactive contribue grandement à la crédibilité du programme d'évaluation génétique et favorise l'adhésion des éleveurs. Ces analyses et ces communications ont été réalisées dans le cadre de ce projet.

De plus, les améliorations apportées au programme d'évaluation génétique ont été une belle opportunité de revoir les bonnes pratiques des éleveurs en sélection génétique. En général, les bonnes pratiques de sélection ont amené de plus faibles changements au niveau des indices, ce qui encourage les éleveurs à effectuer un bon travail de sélection. Il y a une exception pour la saisie des biberons et des adoptions dans le programme GenOvis, où le nouveau programme permet de mieux départager la contribution génétique de la mère biologique, de la mère adoptive (nourrice) ou de l'agneau. Une bonne saisie de ces données engendre une meilleure estimation des potentiels génétiques.

## 8 CONCILIATION DES DÉPENSES

Le fichier Excel de conciliation des dépenses ainsi que toutes les pièces justificatives qui y sont attachées, sont fournis au Ministère lors du dépôt du rapport final de ce projet.

## Annexe A. Résultats des analyses pour les troupeaux par race

Tableau 4. Différentiel, en rang centile, par race des indices Carcasse et IST.

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (CARC - IST)
7866	BC	199	-11
85880	BC	174	3
86362	BL	1309	-8
86246	BL	418	-4
161984	CD	72	-10
161974	CD	142	-3
161954	CD	683	-1
161980	CD	86	0
86396	CD	560	1
86442	CD	330	3
86562	CD	500	5
86680	CD	1085	7
86184	CD	266	17
161950	CO	656	-12
161954	CO	75	-2
4914	CO	613	0
161974	CO	56	3
86572	CO	158	6
86666	CU	138	-3
86634	CU	156	-1
161984	DH	55	-10
86616	DO	124	-11
86598	DO	801	-3
86646	DP	1046	-27
86584	DP	162	-26
86536	DP	1728	-24
86702	DP	352	-22
86468	DP	949	-20
86540	DP	1402	-20
61960	DP	64	-19
5940	DP	63	-17
86284	DP	168	-16
86544	DP	1178	-14
640	DP	170	-14
86516	DP	1594	-12
240	DP	126	-12
86204	DP	1727	-11

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (CARC - IST)
86504	DP	1615	-11
86658	DP	253	-10
86698	DP	527	-9
86372	DP	541	-9
86694	DP	1523	-9
86642	DP	87	-8
86542	DP	52	-8
86550	DP	427	-8
86362	DP	475	-7
86190	DP	1364	-6
232	DP	108	-6
86456	DP	1982	-6
86554	DP	452	-5
86360	DP	356	-5
80026	DP	4062	-5
86510	DP	355	-5
86558	DP	123	-4
5584	DP	92	-4
7944	DP	156	-4
85870	DP	565	-3
5944	DP	361	-3
2976	DP	788	-3
5720	DP	554	-3
86650	DP	304	-3
82090	DP	1226	-2
86576	DP	4019	-2
86534	DP	1550	-2
86328	DP	433	-1
7956	DP	129	0
776	DP	309	1
85968	DP	3312	4
86622	DP	121	4
85780	DP	227	4
86488	DP	367	5
86474	DP	339	6
86132	DP	760	6
86198	DP	1740	6
86310	DP	639	7
86246	DP	850	8
81276	DP	1801	10

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (CARC - IST)
81446	DP	986	11
41950	DP	421	14
85996	DP	3399	15
86448	DP	1340	17
5514	DP	403	18
86090	DP	303	29
86560	DP	68	37
86674	EF	163	-22
86662	EF	837	-17
86666	EF	180	-14
86664	EF	709	-14
86670	EF	596	-7
86668	EF	225	13
86540	FN	499	18
86706	FN	188	40
86468	HA	61	-2
86496	HA	126	0
86674	HA	136	0
86400	HA	73	0
86640	HA	369	5
86362	HA	1050	5
232	HA	144	6
86372	HA	79	8
82016	HA	655	9
86558	HA	873	10
85968	HA	150	11
86682	HA	117	13
79766	HA	817	23
7806	IF	190	4
161974	IF	104	4
61952	IF	581	5
161954	IF	463	9
7762	IF	110	12
81446	IF	248	12
86184	IF	1106	14
86600	IL	83	-15
86454	IL	677	-3
121958	KA	226	-2
85880	NC	381	5

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (CARC - IST)
86518	NC	362	5
86660	NC	155	14
86594	PO	85	-4
86400	PO	97	-2
86388	PO	1861	-1
86640	PO	448	2
85862	PO	1053	2
86556	PO	974	3
86558	PO	3089	4
86146	PO	3381	14
161974	RI	163	-18
161954	RI	1218	-14
61952	RI	837	-13
86694	RI	278	-12
86396	RI	1148	-10
2918	RI	5255	-9
86492	RI	416	-8
4932	RI	1567	-8
86042	RI	700	-8
86562	RI	190	-7
86542	RI	417	-5
4914	RI	297	-4
232	RI	428	-3
86448	RI	1814	-3
7848	RI	1426	-2
5668	RI	771	-2
86400	RI	4153	0
7868	RI	597	0
85996	RI	1798	1
86710	RI	67	2
86310	RI	2088	2
86682	RI	152	3
7954	RI	720	3
86370	RI	244	3
86330	RI	3763	3
86414	RI	2044	5
86496	RI	2338	5
7778	RI	376	6
86470	RI	987	6

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (CARC - IST)
86184	RI	2453	8
7894	RI	232	9
86622	RI	1026	11
86636	RI	215	14
86556	RI	85	17
7782	RI	326	25
86646	RV	1111	-32
86702	RV	121	-21
86694	RV	81	-15
86204	RV	1712	-10
86536	RV	500	-5
161950	RV	848	-3
86190	RV	292	-2
86344	RV	123	-1
86554	RV	648	-1
86658	RV	278	-1
86650	RV	510	-1
86310	RV	154	0
86544	RV	557	1
86372	RV	84	2
86482	RV	3973	2
86468	RV	637	2
86516	RV	314	3
86290	RV	90	4
86698	RV	187	4
86534	RV	1209	4
82090	RV	498	4
86484	RV	206	4
86558	RV	165	4
86550	RV	483	4
86576	RV	1349	5
86362	RV	1792	7
86642	RV	1062	8
86510	RV	120	8
80026	RV	712	8
86132	RV	250	10
85870	RV	452	12
85968	RV	859	12
86456	RV	527	12

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (CARC - IST)
86504	RV	509	12
86106	RV	665	14
85780	RV	65	16
86246	RV	747	17
86488	RV	112	22
86560	RV	137	31
86090	RV	187	53
7806	SO	167	-6
272	SU	374	-6
86128	SU	253	-4
5940	SU	134	-3
120	SU	132	-3
7864	SU	371	0
86246	SU	659	2
85830	SU	242	2
86442	SU	178	3
7806	SU	408	3
86290	SU	1256	4
232	SU	114	4
86330	SU	183	4
86474	SU	166	5
82016	SU	236	5
86584	SU	70	5
161956	SU	690	6
86676	SU	78	8
85780	SU	95	8
86190	SU	86	8
86344	SU	565	8
250	SU	296	9
86576	SU	95	13
86558	SU	125	15
86688	SU	69	16
61954	SU	403	16
86654	SU	101	16
121956	SU	278	19
41966	SU	243	21
41956	SU	73	27
86146	SU	147	28
690	SU	600	29

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (CARC - IST)
86090	SU	241	30
86572	SU	193	30
85810	SU	51	36
86518	TU	134	26
240	TX	51	4
41964	TX	410	10
5514	TX	717	33
86492	XB	1070	-24
86646	XB	67	-21
86662	XB	612	-21
86664	XB	572	-17
86672	XB	653	-14
86674	XB	2230	-12
86716	XB	51	-11
4962	XB	188	-11
86670	XB	227	-9
161972	XB	1558	-9
86692	XB	161	-7
86536	XB	58	-5
86634	XB	1229	-5
86584	XB	397	-3
4914	XB	94	-3
161950	XB	102	-3
161974	XB	57	-2
86666	XB	252	-1
86616	XB	688	-1
86650	XB	440	-1
86284	XB	130	-1
121958	XB	51	-1
86544	XB	1253	-1
86372	XB	412	1
86290	XB	546	1
5944	XB	193	2
86328	XB	307	3
86576	XB	182	4
161980	XB	219	4
86310	XB	796	5
86640	XB	124	5
86396	XB	1316	5

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (CARC - IST)
86106	XB	57	6
86362	XB	3688	7
86190	XB	54	7
85968	XB	101	8
86556	XB	1848	9
7944	XB	705	10
86510	XB	403	10
7956	XB	156	10
82090	XB	463	11
85830	XB	53	12
86370	XB	2956	12
81276	XB	2075	12
86680	XB	560	13
86184	XB	824	13
86558	XB	1098	13
85780	XB	480	14
86442	XB	464	14
86622	XB	79	15
7880	XB	86	15
86550	XB	63	17
86246	XB	2897	20
41950	XB	263	26
5514	XB	6291	26
81446	XB	192	29
85996	XB	87	31
86146	XB	205	33
644	XB	119	35
86518	XB	360	41
86190	XX	353	-11
232	XX	58	-8
86396	XX	54	-3
86184	XX	52	1
86558	XX	67	16

Tableau 5. Différentiel, en rang centile, par race des indices génétiques GAIN et ISC.

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (GAIN- ISC)
7866	BC	199	-14
85880	BC	174	-2
86362	BL	1508	-7
86246	BL	418	-6
161984	CD	72	-13
161974	CD	142	-3
161954	CD	696	-1
161980	CD	86	1
86442	CD	350	2
86680	CD	1229	3
86396	CD	577	5
86562	CD	500	6
86184	CD	266	15
161950	CO	769	-11
161954	CO	89	-3
4914	CO	613	-1
161974	CO	56	5
86572	CO	158	6
86666	CU	138	5
86634	CU	175	8
161984	DH	55	-8
86616	DO	125	-11
86598	DO	866	-3
86702	DP	352	-22
86504	DP	1615	-19
86536	DP	1915	-18
86584	DP	162	-16
86544	DP	1325	-15
61960	DP	64	-14
86540	DP	1402	-13
86714	DP	88	-12
86646	DP	1046	-11
86658	DP	257	-10
86698	DP	646	-10
86516	DP	1594	-10
86204	DP	1885	-9

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (GAIN- ISC)
640	DP	170	-9
86372	DP	541	-9
86642	DP	87	-9
86456	DP	2080	-8
5940	DP	63	-8
86534	DP	1550	-7
86468	DP	982	-7
86554	DP	452	-7
86190	DP	1365	-6
240	DP	141	-6
232	DP	108	-6
86362	DP	475	-6
86284	DP	168	-6
5584	DP	97	-5
85870	DP	565	-5
86328	DP	433	-5
86650	DP	336	-5
7944	DP	156	-5
86694	DP	1523	-5
86550	DP	618	-5
86542	DP	52	-4
2976	DP	828	-4
5720	DP	554	-3
86360	DP	356	-2
86558	DP	123	-2
80026	DP	4173	-2
776	DP	309	-2
85780	DP	227	-1
85968	DP	3353	0
5944	DP	361	0
86488	DP	367	1
86510	DP	355	1
86622	DP	121	2
7956	DP	169	5
86198	DP	1835	5
86474	DP	340	6
86310	DP	639	7
86246	DP	881	7
86132	DP	890	8

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (GAIN- ISC)
82090	DP	1314	9
81276	DP	1926	9
86576	DP	4069	10
85996	DP	3612	13
81446	DP	986	13
86448	DP	1381	14
5514	DP	403	16
41950	DP	421	18
86090	DP	303	21
86560	DP	68	24
86674	EF	163	-6
86666	EF	180	-5
86662	EF	835	-3
86664	EF	709	-2
86670	EF	596	-1
86668	EF	225	17
86540	FN	499	16
86706	FN	248	42
232	HA	144	-3
86496	HA	126	-2
86400	HA	73	0
86674	HA	136	1
86362	HA	1056	1
86468	HA	62	2
86640	HA	375	4
85968	HA	150	4
86372	HA	79	5
82016	HA	685	8
86682	HA	117	10
86558	HA	880	10
79766	HA	817	20
7762	IF	373	-4
7806	IF	190	1
161974	IF	104	3
161954	IF	481	6
61952	IF	587	9
86184	IF	1349	15
81446	IF	248	16

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (GAIN- ISC)
86600	IL	83	-13
86454	IL	677	-3
121958	KA	259	-4
85880	NC	381	2
86518	NC	362	7
86660	NC	155	11
86594	PO	85	-7
86388	PO	1898	-4
86400	PO	97	0
86640	PO	448	1
85862	PO	1053	2
86556	PO	1018	4
86558	PO	3430	4
86146	PO	3381	10
61952	RI	867	-12
86042	RI	700	-11
86694	RI	278	-10
161954	RI	1272	-9
86396	RI	1169	-8
86562	RI	194	-7
161974	RI	163	-7
86448	RI	1866	-5
86496	RI	2338	-5
2918	RI	5348	-4
86542	RI	417	-4
4914	RI	297	-4
7954	RI	720	-2
7868	RI	597	-2
86370	RI	244	-2
4932	RI	1567	-2
232	RI	428	-1
7848	RI	1426	0
85996	RI	1842	1
5668	RI	771	1
86682	RI	152	1
86330	RI	3889	2
86400	RI	4186	2
86310	RI	2088	3

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (GAIN- ISC)
86470	RI	987	3
86414	RI	2081	3
86492	RI	416	5
86710	RI	326	5
7778	RI	376	6
7894	RI	248	7
86622	RI	1026	9
86184	RI	2646	11
86636	RI	215	13
7782	RI	326	14
86556	RI	85	19
86646	RV	1111	-20
86702	RV	121	-13
86694	RV	81	-10
86536	RV	500	-9
86204	RV	1712	-8
86372	RV	84	-7
86650	RV	528	-5
86310	RV	154	-5
86534	RV	1209	-5
86516	RV	314	-3
86544	RV	621	-3
86658	RV	278	-3
86554	RV	648	-3
161950	RV	968	-2
86550	RV	527	-2
86190	RV	292	-1
86344	RV	123	1
86362	RV	1978	1
86482	RV	4134	3
86698	RV	187	3
86290	RV	104	3
86576	RV	1401	4
86642	RV	1271	4
86484	RV	206	4
86106	RV	685	5
80026	RV	742	5
85968	RV	899	5
86558	RV	212	5

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (GAIN- ISC)
85870	RV	452	6
86510	RV	120	6
86246	RV	758	6
7762	RV	131	7
82090	RV	521	8
86132	RV	250	8
86468	RV	658	9
86456	RV	527	9
86504	RV	509	11
86488	RV	112	12
85780	RV	65	13
86560	RV	137	23
86090	RV	187	42
7806	SO	167	-9
86330	SU	201	-5
5940	SU	134	-5
272	SU	388	-5
86128	SU	267	-4
232	SU	114	-3
7864	SU	371	-3
7806	SU	408	-2
86246	SU	701	0
86442	SU	182	2
82016	SU	236	2
86676	SU	78	2
120	SU	132	3
85830	SU	242	4
86584	SU	70	4
161956	SU	690	4
86290	SU	1270	4
85780	SU	95	7
86474	SU	166	7
250	SU	296	8
86654	SU	101	9
86344	SU	565	9
86688	SU	69	10
86190	SU	86	13
61954	SU	403	13

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (GAIN- ISC)
86576	SU	97	13
41966	SU	243	14
86558	SU	136	15
86090	SU	241	16
121956	SU	278	16
690	SU	600	22
86146	SU	147	25
85810	SU	51	27
41956	SU	73	29
86572	SU	193	34
86518	TU	135	27
240	TX	51	9
41964	TX	410	18
5514	TX	717	34
86662	XB	614	-13
86664	XB	572	-13
86492	XB	1070	-13
86672	XB	653	-11
161972	XB	1558	-9
86716	XB	51	-9
4962	XB	188	-8
86674	XB	2230	-6
121958	XB	71	-6
86646	XB	67	-5
86284	XB	130	-4
86650	XB	456	-4
4914	XB	94	-4
161950	XB	102	-3
86692	XB	161	-2
86670	XB	227	-2
86328	XB	307	-2
86372	XB	412	-2
86544	XB	1553	-2
86640	XB	124	-1
86634	XB	1280	-1
86536	XB	65	0
161974	XB	57	0
86584	XB	397	0

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (GAIN- ISC)
86616	XB	695	1
86290	XB	621	3
86310	XB	796	4
5944	XB	193	5
86666	XB	252	5
86362	XB	3875	5
161980	XB	219	5
85968	XB	101	7
86370	XB	2956	7
86190	XB	54	7
7944	XB	709	7
86106	XB	57	8
81276	XB	2138	9
86396	XB	1336	9
86442	XB	464	9
7880	XB	86	9
86556	XB	1983	9
86680	XB	634	9
85780	XB	480	10
86510	XB	403	12
7956	XB	189	13
85830	XB	53	13
86622	XB	79	14
86576	XB	186	14
86550	XB	84	15
86558	XB	1244	15
86184	XB	959	16
86246	XB	2979	19
5514	XB	6291	20
644	XB	119	24
81446	XB	192	27
41950	XB	263	28
86146	XB	205	30
82090	XB	468	30
85996	XB	98	30
86518	XB	360	37
86190	XX	353	-15
232	XX	58	-10
86396	XX	54	-4

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (GAIN- ISC)
86184	XX	52	5
86558	XX	150	19

Tableau 6. Différentiel, en rang centile, par race des indices génétiques MAT-HP et ISM

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (MAT-HP - ISM)
7866	BC	199	-28
86246	BL	418	-27
86646	RV	1111	-24
86362	BL	1309	-24
2918	RI	5255	-21
86396	XX	54	-20
86536	DP	1728	-20
86640	XB	124	-19
86576	XB	182	-18
86536	RV	500	-15
86550	DP	427	-15
86310	RV	154	-15
232	XX	58	-14
86492	XB	1070	-14
86646	XB	67	-14
86284	DP	168	-13
161950	RV	848	-12
86662	XB	612	-12
61960	DP	64	-11
86190	XB	54	-10
86190	DP	1364	-10
161974	CO	56	-9
5944	DP	361	-9
86190	XX	353	-9
86694	RI	278	-9
86396	RI	1148	-9
86190	RV	292	-9
86670	XB	227	-8
86544	DP	1178	-8

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (MAT-HP - ISM)
161974	XB	57	-8
86664	XB	572	-8
86362	RV	1792	-8
86698	DP	527	-7
86448	RI	1814	-7
161954	CO	75	-7
161972	XB	1558	-7
161954	RI	1218	-7
161984	DH	55	-7
85996	RI	1798	-7
86536	XB	58	-7
86576	DP	4019	-6
7954	RI	720	-6
86642	DP	87	-5
86516	DP	1594	-5
640	DP	170	-5
4914	RI	297	-5
86672	XB	653	-5
86540	DP	1402	-4
86658	DP	253	-4
86600	IL	83	-4
121958	XB	51	-4
80026	RV	712	-4
86702	DP	352	-4
86550	XB	63	-4
86362	XB	3688	-3
86290	XB	546	-3
85968	DP	3312	-3
61952	RI	837	-3
61952	IF	581	-3
86106	XB	57	-3
86246	RV	747	-2
86372	XB	412	-2
85870	DP	565	-2
86534	DP	1550	-2
272	SU	374	-2
4962	XB	188	-2
86474	DP	339	-2

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (MAT-HP - ISM)
161980	XB	219	-2
86362	DP	475	-2
161974	RI	163	-2
86184	XB	824	-2
86616	DO	124	-2
86584	SU	70	-2
86584	DP	162	-2
86454	IL	677	-1
86400	RI	4153	-1
86646	DP	1046	-1
86184	XX	52	-1
86360	DP	356	-1
86310	RI	2088	-1
232	DP	108	-1
86666	EF	180	-1
240	DP	126	-1
86400	PO	97	-1
86554	DP	452	-1
120	SU	132	-1
86400	HA	73	-1
5584	DP	92	-1
86504	DP	1615	-1
86284	XB	130	0
86550	RV	483	0
86204	DP	1727	0
86558	DP	123	0
86650	XB	440	0
85830	XB	53	0
161980	CD	86	0
85870	RV	452	0
86694	DP	1523	0
86650	DP	304	0
7848	RI	1426	0
86128	SU	253	0
161974	CD	142	1
161950	XB	102	1
86616	XB	688	1
86622	XB	79	1

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (MAT-HP - ISM)
86544	XB	1253	1
80026	DP	4062	1
86594	PO	85	1
86676	SU	78	1
7868	RI	597	1
86576	RV	1349	1
121958	KA	226	1
86482	RV	3973	1
86636	RI	215	2
5940	SU	134	2
86670	EF	596	2
7864	SU	371	2
85996	DP	3399	2
5940	DP	63	2
86488	DP	367	2
86556	XB	1848	2
86468	DP	949	2
86106	RV	665	2
86456	DP	1982	3
85780	DP	227	3
161954	CD	683	3
86396	CD	560	3
86328	XB	307	3
86132	RV	250	3
86698	RV	187	3
5514	DP	403	3
5514	XB	6291	3
86662	EF	837	3
86330	SU	183	3
81276	DP	1801	4
5720	DP	554	4
161950	CO	656	4
86290	RV	90	4
86572	CO	158	4
85862	PO	1053	4
86706	FN	188	5
5944	XB	193	5
86542	RI	417	5

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (MAT-HP - ISM)
86510	DP	355	5
86682	RI	152	5
86650	RV	510	5
86710	RI	67	5
85968	XB	101	5
7894	RI	232	5
86246	XB	2897	5
86204	RV	1712	6
86642	RV	1062	6
86468	RV	637	6
776	DP	309	6
86702	RV	121	6
86190	SU	86	6
86496	HA	126	6
86290	SU	1256	6
86146	PO	3381	6
86558	PO	3089	6
86388	PO	1861	6
86328	DP	433	6
86396	XB	1316	6
86680	XB	560	6
86372	DP	541	6
86534	RV	1209	7
86666	XB	252	7
86640	PO	448	7
232	SU	114	7
85880	BC	174	7
86442	XB	464	7
4914	XB	94	7
86042	RI	700	7
82090	DP	1226	7
86562	RI	190	7
86184	RI	2453	7
86488	RV	112	7
86682	HA	117	8
86310	DP	639	8
86414	RI	2044	8
86310	XB	796	8

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (MAT-HP - ISM)
161984	CD	72	8
86246	SU	659	8
86362	HA	1050	8
86516	RV	314	8
5668	RI	771	9
86090	DP	303	9
85810	SU	51	9
85780	XB	480	9
232	RI	428	9
86674	HA	136	9
86370	XB	2956	9
4932	RI	1567	10
86542	DP	52	10
86492	RI	416	10
86448	DP	1340	10
86664	EF	709	10
7806	SU	408	10
161956	SU	690	10
86330	RI	3763	11
86634	XB	1229	11
86184	IF	1106	11
86132	DP	760	11
121956	SU	278	11
86456	RV	527	11
86344	RV	123	11
86558	XB	1098	11
85968	RV	859	11
86666	CU	138	11
4914	CO	613	11
86658	RV	278	12
82016	SU	236	12
86622	RI	1026	12
86468	HA	61	12
86372	HA	79	12
86510	XB	403	12
7782	RI	326	12
86560	RV	137	13
81446	IF	248	13

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (MAT-HP - ISM)
86584	XB	397	13
86470	RI	987	13
86554	RV	648	13
86474	SU	166	13
85968	HA	150	13
232	HA	144	13
86562	CD	500	13
86496	RI	2338	13
86558	SU	125	13
61954	SU	403	13
86558	XX	67	13
85830	SU	242	14
86246	DP	850	14
82090	RV	498	14
86198	DP	1740	15
86640	HA	369	15
86442	CD	330	15
86442	SU	178	15
250	SU	296	15
81446	DP	986	16
86556	RI	85	16
86622	DP	121	16
7944	DP	156	17
41950	DP	421	17
7806	IF	190	17
85996	XB	87	17
2976	DP	788	17
7778	RI	376	17
7956	DP	129	18
86370	RI	244	18
86674	XB	2230	18
644	XB	119	19
86694	RV	81	19
86544	RV	557	19
86344	SU	565	19
86558	HA	873	19
79766	HA	817	20
81276	XB	2075	20

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (MAT-HP - ISM)
82016	HA	655	20
240	TX	51	20
86576	SU	95	20
85780	SU	95	20
86372	RV	84	20
86716	XB	51	20
86510	RV	120	20
85780	RV	65	21
86540	FN	499	21
86556	PO	974	21
86680	CD	1085	22
86146	SU	147	22
86504	RV	509	22
86184	CD	266	22
86484	RV	206	23
7956	XB	156	23
7944	XB	705	23
86598	DO	801	23
41966	SU	243	24
86654	SU	101	24
86146	XB	205	24
7762	IF	110	24
86634	CU	156	25
7806	SO	167	25
86560	DP	68	25
86688	SU	69	26
86518	NC	362	26
690	SU	600	26
81446	XB	192	26
161974	IF	104	27
86692	XB	161	27
85880	NC	381	28
86558	RV	165	30
86518	TU	134	31
86572	SU	193	31
86660	NC	155	31
86518	XB	360	32
86668	EF	225	32

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (MAT-HP - ISM)
86674	EF	163	33
82090	XB	463	34
161954	IF	463	35
7880	XB	86	39
41956	SU	73	42
86090	RV	187	42
86090	SU	241	43
41950	XB	263	48
5514	TX	717	48
41964	TX	410	51

Tableau 7. Différentiel, en rang centile, par race des indices génétiques MAT-UHP et ISM+

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (MAT-UHP - ISM+)
7866	BC	199	-32
85880	BC	174	0
86246	BL	418	-11
86362	BL	1309	-9
161980	CD	86	-10
161984	CD	72	-2
161974	CD	142	1
161954	CD	683	2
86396	CD	560	6
86442	CD	330	9
86562	CD	500	15
86680	CD	1085	19
86184	CD	266	25
161954	CO	75	-15
161974	CO	56	-6
161950	CO	656	-5
86572	CO	158	6
4914	CO	613	8
86666	CU	138	-3

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (MAT-UHP - ISM+)
86634	CU	156	20
161984	DH	55	-14
86616	DO	124	-4
86598	DO	801	22
61960	DP	64	-15
640	DP	170	-9
86536	DP	1728	-7
5944	DP	361	-7
86284	DP	168	-6
86360	DP	356	-3
86550	DP	427	-3
5584	DP	92	-2
240	DP	126	-2
86544	DP	1178	-2
86558	DP	123	-1
86698	DP	527	-1
86702	DP	352	-1
86642	DP	87	-1
86474	DP	339	-1
86190	DP	1364	-1
86516	DP	1594	-1
5940	DP	63	0
86658	DP	253	0
85870	DP	565	1
776	DP	309	1
86650	DP	304	1
5720	DP	554	2
86362	DP	475	3
86584	DP	162	3
232	DP	108	3
86204	DP	1727	3
80026	DP	4062	4
86328	DP	433	4
86534	DP	1550	4
85968	DP	3312	4
81276	DP	1801	5
86540	DP	1402	5
86646	DP	1046	5

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (MAT-UHP - ISM+)
86372	DP	541	5
85780	DP	227	6
86488	DP	367	6
86510	DP	355	7
86456	DP	1982	7
86504	DP	1615	7
86576	DP	4019	7
86694	DP	1523	7
86554	DP	452	8
5514	DP	403	9
86542	DP	52	9
86468	DP	949	9
85996	DP	3399	9
41950	DP	421	10
86310	DP	639	11
7956	DP	129	12
81446	DP	986	12
7944	DP	156	12
86448	DP	1340	13
2976	DP	788	13
86246	DP	850	14
82090	DP	1226	15
86198	DP	1740	15
86622	DP	121	20
86132	DP	760	22
86090	DP	303	22
86560	DP	68	38
86666	EF	180	-16
86670	EF	596	-15
86662	EF	837	-6
86664	EF	709	-1
86668	EF	225	15
86674	EF	163	29
86706	FN	188	-9
86540	FN	499	19
86674	HA	136	-1
86400	HA	73	1
86682	HA	117	1

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (MAT-UHP - ISM+)
86372	HA	79	4
86496	HA	126	8
86362	HA	1050	8
86468	HA	61	10
86558	HA	873	11
232	HA	144	11
79766	HA	817	15
86640	HA	369	15
82016	HA	655	17
85968	HA	150	19
61952	IF	581	4
7806	IF	190	11
81446	IF	248	14
86184	IF	1106	15
161974	IF	104	23
7762	IF	110	26
161954	IF	463	28
86600	IL	83	-9
86454	IL	677	-2
121958	KA	226	0
86518	NC	362	18
85880	NC	381	26
86660	NC	155	29
86594	PO	85	2
86558	PO	3089	4
86400	PO	97	5
86388	PO	1861	5
85862	PO	1053	5
86146	PO	3381	10
86640	PO	448	10
86556	PO	974	17
2918	RI	5255	-20
86694	RI	278	-15
7954	RI	720	-9
61952	RI	837	-5
161954	RI	1218	-4
161974	RI	163	-4
85996	RI	1798	-3

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (MAT-UHP - ISM+)
4914	RI	297	-1
7848	RI	1426	-1
86396	RI	1148	0
86310	RI	2088	1
86400	RI	4153	1
86448	RI	1814	2
86562	RI	190	3
86042	RI	700	4
5668	RI	771	5
86636	RI	215	5
7782	RI	326	5
7894	RI	232	6
7868	RI	597	6
86710	RI	67	7
86184	RI	2453	7
86682	RI	152	7
86492	RI	416	9
86542	RI	417	9
4932	RI	1567	10
86414	RI	2044	11
86330	RI	3763	11
86622	RI	1026	12
86470	RI	987	12
7778	RI	376	13
232	RI	428	14
86496	RI	2338	15
86370	RI	244	16
86556	RI	85	21
161950	RV	848	-11
86646	RV	1111	-9
86310	RV	154	-6
86536	RV	500	-6
86362	RV	1792	-5
86190	RV	292	-3
86550	RV	483	-1
85870	RV	452	0
86702	RV	121	1
86246	RV	747	1

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (MAT-UHP - ISM+)
86106	RV	665	1
86576	RV	1349	2
86698	RV	187	4
86482	RV	3973	4
86650	RV	510	4
86290	RV	90	5
80026	RV	712	5
86204	RV	1712	5
86132	RV	250	6
82090	RV	498	6
86642	RV	1062	7
86468	RV	637	8
86534	RV	1209	8
86488	RV	112	10
86516	RV	314	10
86344	RV	123	10
86694	RV	81	11
86658	RV	278	11
85968	RV	859	12
86554	RV	648	12
86560	RV	137	12
86456	RV	527	12
86484	RV	206	14
86372	RV	84	14
86544	RV	557	14
86504	RV	509	16
86510	RV	120	18
85780	RV	65	20
86558	RV	165	27
86090	RV	187	52
7806	SO	167	22
272	SU	374	-4
86584	SU	70	-3
120	SU	132	-2
86128	SU	253	-1
86190	SU	86	-1
86290	SU	1256	-1
5940	SU	134	0

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (MAT-UHP - ISM+)
86676	SU	78	1
86330	SU	183	4
86558	SU	125	4
7864	SU	371	4
86246	SU	659	4
85830	SU	242	6
85780	SU	95	6
7806	SU	408	7
86474	SU	166	7
161956	SU	690	8
86442	SU	178	8
61954	SU	403	9
232	SU	114	10
85810	SU	51	10
82016	SU	236	11
121956	SU	278	12
86344	SU	565	14
86146	SU	147	18
86576	SU	95	18
250	SU	296	19
41966	SU	243	19
86688	SU	69	20
690	SU	600	22
86654	SU	101	23
86572	SU	193	27
41956	SU	73	28
86090	SU	241	42
86518	TU	134	34
240	TX	51	29
5514	TX	717	32
41964	TX	410	47
86662	XB	612	-24
86664	XB	572	-21
86670	XB	227	-19
86672	XB	653	-18
86492	XB	1070	-18
86646	XB	67	-15
86576	XB	182	-10

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (MAT-UHP - ISM+)
86640	XB	124	-10
161974	XB	57	-10
86190	XB	54	-9
86372	XB	412	-9
121958	XB	51	-8
86290	XB	546	-7
161972	XB	1558	-7
161950	XB	102	-5
86666	XB	252	-5
86616	XB	688	-5
86362	XB	3688	-3
161980	XB	219	-3
86536	XB	58	-2
4962	XB	188	-2
5944	XB	193	-2
86544	XB	1253	-1
86106	XB	57	-1
86650	XB	440	0
86284	XB	130	0
86622	XB	79	1
86184	XB	824	1
86328	XB	307	2
86556	XB	1848	2
86550	XB	63	3
86674	XB	2230	3
86310	XB	796	5
86634	XB	1229	5
86558	XB	1098	5
85830	XB	53	5
86246	XB	2897	6
4914	XB	94	6
85780	XB	480	8
86510	XB	403	8
5514	XB	6291	9
86680	XB	560	9
85968	XB	101	10
86584	XB	397	10
86442	XB	464	11

# Troupeau fictif	Groupe de race	Fréquence	Différentiel (MAT-UHP - ISM+)
86370	XB	2956	11
86396	XB	1316	17
81446	XB	192	17
86692	XB	161	19
7944	XB	705	20
81276	XB	2075	21
85996	XB	87	22
7956	XB	156	24
86716	XB	51	24
86146	XB	205	27
86518	XB	360	31
7880	XB	86	31
644	XB	119	35
41950	XB	263	39
82090	XB	463	49
86396	XX	54	-23
232	XX	58	-20
86190	XX	353	-14
86184	XX	52	-7
86558	XX	67	6

## Annexe B. Résultats d'analyses pour les regroupements de races

Tableau 8. Différentiel, en rang centile, par groupe de races des indices CARC et IST.

Regroupement de race	Fréquence	Différentiel (CARC - IST)
21	616	-12
14	194	-9
12	1326	-4
17	760	-4
13	931	-2
1	38615	-2
19	1232	-1
18	133	1
7	764	2
9	92685	3
2	9830	3
5	2340	3
8	22544	4
4	9465	5
11	1561	8
3	8873	10
24	11793	10
6	2753	11
25	2105	13
20	1172	22
16	676	25

Tableau 9. Différentiel, en rang centile, par groupe de races des indices GAIN et ISC.

Regroupement de races	Fréquence	Différentiel (GAIN - ISC)
21	616	-11
14	194	-8
17	760	-4
13	931	-3
1	38690	-1
19	1236	0
8	22873	1
9	93928	2
4	9667	3
2	9959	3
5	2340	3
18	133	3
7	764	4
3	8945	6
11	1566	8
6	2771	8
12	1318	9
24	11889	11
25	2044	12
16	736	25
20	1172	27

Tableau 10. Différentiel, en rang centile, par groupe de races des indices MAT-HP et ISM.

Regroupement de races	Fréquence	Différentiel (MAT-HP - ISM)
21	616	-22
17	760	0
1	38615	0
8	22544	3
9	92685	3
18	133	4
4	9465	7
25	2105	9
2	9830	9
5	2340	12
3	8873	12
13	931	13
6	2753	14
16	676	16
11	1561	16
24	11793	18
12	1326	20
19	1232	22
14	194	24
7	764	26
20	1172	43

Tableau 11. Différentiel, en rang centile, par groupe de races des indices MAT-UHP et ISM+.

Regroupement de races	Fréquence	Différentiel (MAT-UHP - ISM+)
21	616	-25
17	760	-2
13	931	1
1	38615	1
18	133	3
8	22544	4
9	92685	6
2	9830	6
4	9465	6
5	2340	8
3	8873	8
16	676	9
12	1326	10
6	2753	10
25	2105	11
11	1561	15
24	11793	16
14	194	19
7	764	20
19	1232	21
20	1172	32

## Annexe C. Résultats d'analyses pour les béliers

Tableau 12. Différentiel, en rang centile, par bélier des indices CARC et IST.

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)	ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
1	86362	BL	7	-72	38	86454	IL	38	-22
2	640	DP	57	-54	39	86598	DO	34	-22
3	86674	EF	126	-41	40	86442	CD	38	-22
4	86634	XB	122	-40	41	86396	CD	12	-22
5	86448	RI	32	-39	42	161984	CD	3	-22
6	161954	RI	53	-38	43	86400	RI	9	-22
7	161950	CO	313	-38	44	121958	SU	49	-22
8	86674	EF	154	-37	45	272	SU	4	-22
9	2918	RI	147	-36	46	86388	PO	133	-21
10	2976	DP	126	-35	47	86518	NC	42	-21
11	161984	CD	5	-35	48	86454	IL	28	-21
12	161950	CO	103	-33	49	61952	RI	25	-21
13	86284	DP	54	-32	50	61952	RI	137	-21
14	86726	DO	5	-30	51	86400	RI	127	-21
15	640	DP	5	-30	52	2918	RI	101	-21
16	86448	RI	73	-30	53	86674	EF	132	-20
17	86456	DP	134	-30	54	161974	RI	33	-20
18	161984	CD	6	-30	55	61952	RI	90	-20
19	5584	DP	8	-30	56	86360	DP	88	-20
20	272	SU	27	-29	57	86414	RI	8	-20
21	86442	CD	5	-28	58	86400	RI	25	-20
22	86716	XB	18	-28	59	7866	BC	36	-20
23	161954	RI	24	-27	60	86634	XB	63	-20
24	2918	RI	42	-27	61	4914	RI	246	-19
25	61960	DP	5	-26	62	4914	CO	28	-19
26	4962	XB	9	-25	63	86482	RV	108	-19
27	640	DP	44	-25	64	86456	DP	30	-19
28	161950	CO	14	-25	65	61952	RI	49	-19
29	61952	RI	240	-25	66	86414	RI	45	-19
30	86662	XB	59	-25	67	272	SU	4	-19
31	640	DP	104	-24	68	86598	DO	10	-18
32	85780	DP	27	-23	69	161954	RI	146	-18
33	86204	RV	11	-23	70	161954	CO	18	-18
34	41964	TX	3	-23	71	86562	CD	47	-18
35	2918	RI	219	-23	72	7806	SO	86	-18
36	4962	XB	9	-22	73	121958	WD	60	-18
37	86518	NC	17	-22	74	85780	SU	49	-17

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
75	61960	DP	5	-17
76	86616	DO	162	-17
77	82016	HA	29	-17
78	2976	DP	25	-17
79	2918	RI	292	-17
80	5940	SU	17	-17
81	86442	SU	182	-16
82	86204	RV	78	-16
83	161950	RV	4	-16
84	2976	DP	17	-16
85	61952	RI	63	-16
86	61952	RI	137	-16
87	86400	RI	41	-16
88	85880	BC	15	-15
89	161954	RI	116	-15
90	7866	BC	10	-15
91	86330	SU	10	-15
92	5940	SU	33	-15
93	4962	XB	11	-14
94	4962	XB	3	-14
95	161984	DH	14	-14
96	86496	RI	34	-14
97	86362	HA	122	-14
98	86204	RV	12	-14
99	86204	RV	60	-14
100	161954	CD	7	-14
101	120	SU	1	-14
102	161984	SH	1	-14
103	2918	RI	528	-14
104	86496	RI	48	-13
105	86598	DO	3	-13
106	86146	PO	5	-13
107	161954	RI	80	-13
108	2918	RI	315	-13
109	161956	SU	121	-13
110	120	HA	1	-13
111	86388	PO	109	-12
112	86496	RI	42	-12
113	4914	RI	258	-12

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
114	86290	SU	247	-12
115	161954	RI	7	-12
116	161954	RI	3	-12
117	161954	CO	6	-12
118	2976	DP	24	-12
119	61952	RI	196	-12
120	61952	RI	217	-12
121	86246	SU	33	-12
122	2918	RI	26	-12
123	120	HA	1	-12
124	7806	SU	77	-12
125	86634	XB	155	-12
126	272	SU	2	-12
127	86454	IL	29	-11
128	85880	NC	14	-11
129	86598	DO	1	-11
130	161954	RI	184	-11
131	161954	RI	1	-11
132	161950	RV	45	-11
133	2976	DP	1	-11
134	61952	IF	35	-11
135	61952	RI	96	-11
136	2918	RI	128	-11
137	7866	BC	3	-11
138	86330	RI	231	-11
139	5940	DP	9	-11
140	85996	RI	43	-10
141	161954	RI	3	-10
142	80026	RV	87	-10
143	86360	DP	25	-10
144	86128	SU	3	-10
145	7866	BC	3	-10
146	161984	SH	4	-9
147	5584	DP	17	-9
148	86454	IL	12	-9
149	4914	CO	24	-9
150	2976	DP	2	-9
151	86396	CD	16	-9
152	7868	RI	2	-9

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
153	7806	SO	12	-9
154	86330	RI	4	-9
155	4962	XB	24	-8
156	86576	RV	58	-8
157	161974	CD	2	-8
158	161954	RI	5	-8
159	161954	IF	29	-8
160	2976	DP	49	-8
161	2976	DP	47	-8
162	2976	DP	3	-8
163	86246	SU	75	-8
164	86414	RI	52	-8
165	80026	DP	25	-8
166	2918	RI	135	-8
167	86330	RI	61	-8
168	272	SU	12	-8
169	272	SU	44	-8
170	86388	PO	109	-8
171	86634	XB	8	-8
172	86634	XB	135	-8
173	81276	DP	45	-8
174	86668	EF	80	-7
175	86388	PO	11	-7
176	86388	PO	109	-7
177	86362	HA	43	-7
178	4914	CO	6	-7
179	640	DP	37	-7
180	86598	DO	16	-7
181	86598	DO	23	-7
182	86598	DO	6	-7
183	86598	DO	37	-7
184	82016	HA	210	-7
185	82016	HA	70	-7
186	86204	RV	10	-7
187	161950	RV	149	-7
188	2976	DP	7	-7
189	86642	RV	48	-7
190	86246	SU	24	-7
191	2918	RI	11	-7

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
192	86634	CU	10	-7
193	120	HA	1	-7
194	272	SU	11	-7
195	86454	IL	21	-6
196	86576	RV	116	-6
197	4914	CO	29	-6
198	86290	SU	59	-6
199	86290	SU	8	-6
200	161950	RV	54	-6
201	2976	DP	11	-6
202	250	SU	37	-6
203	80026	DP	8	-6
204	2918	RI	133	-6
205	86330	RI	18	-6
206	86388	PO	36	-6
207	5940	SU	1	-6
208	272	SU	1	-6
209	4962	XB	3	-5
210	86388	PO	34	-5
211	86388	PO	103	-5
212	85780	SU	4	-5
213	86576	RV	54	-5
214	4914	CO	48	-5
215	4914	CO	5	-5
216	86290	SU	8	-5
217	86290	SU	10	-5
218	161974	RI	3	-5
219	161954	CD	37	-5
220	86456	DP	21	-5
221	86456	DP	27	-5
222	161950	RV	80	-5
223	2976	DP	10	-5
224	61952	RI	146	-5
225	61952	RI	12	-5
226	86388	PO	41	-5
227	272	SU	20	-5
228	272	SU	8	-5
229	272	SU	6	-5
230	640	DP	24	-4

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
231	640	DP	59	-4
232	86598	DO	23	-4
233	86290	SU	15	-4
234	86448	RI	90	-4
235	86128	SU	20	-4
236	161954	RI	23	-4
237	86640	PO	27	-4
238	61952	RI	54	-4
239	86246	SU	23	-4
240	86414	RI	84	-4
241	80026	DP	23	-4
242	86330	RI	23	-4
243	86330	RI	78	-4
244	161984	DH	13	-4
245	86584	DP	34	-4
246	86634	XB	9	-4
247	7806	IF	24	-4
248	161984	SH	8	-3
249	86388	PO	11	-3
250	86362	RV	5	-3
251	86598	DO	14	-3
252	82016	HA	131	-3
253	86204	RV	55	-3
254	82016	SU	26	-3
255	161954	CD	57	-3
256	161954	CD	6	-3
257	161950	CO	13	-3
258	2976	DP	21	-3
259	86396	RI	8	-3
260	5668	RI	92	-3
261	86360	DP	13	-3
262	80026	DP	1	-3
263	7866	BC	45	-3
264	86634	XB	32	-3
265	86634	CU	87	-3
266	85780	SU	53	-2
267	86496	RI	25	-2
268	86496	RI	88	-2
269	86576	RV	55	-2

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
270	85880	NC	18	-2
271	640	DP	25	-2
272	640	DP	3	-2
273	86598	DO	4	-2
274	5668	RI	4	-2
275	86290	SU	3	-2
276	82016	HA	209	-2
277	161974	CD	251	-2
278	86482	RV	76	-2
279	161950	RV	61	-2
280	161950	CO	106	-2
281	2976	DP	1	-2
282	86572	CO	12	-2
283	161984	CD	6	-2
284	80026	RV	72	-2
285	86414	RI	65	-2
286	80026	DP	4	-2
287	2918	RI	145	-2
288	7866	BC	11	-2
289	86330	RI	4	-2
290	86330	RI	41	-2
291	86330	SU	33	-2
292	86330	RI	69	-2
293	7806	SU	43	-2
294	86584	SU	50	-2
295	5720	DP	56	-2
296	86634	CU	28	-2
297	120	HA	4	-2
298	7806	SU	11	-2
299	7762	IF	9	-1
300	5668	RI	76	-1
301	86146	PO	149	-1
302	86290	SU	30	-1
303	86448	RI	67	-1
304	85862	PO	6	-1
305	86482	RV	64	-1
306	161954	RI	5	-1
307	161954	CD	5	-1
308	86456	DP	59	-1

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
309	161950	CO	50	-1
310	161950	CO	54	-1
311	2976	DP	92	-1
312	2976	DP	10	-1
313	61952	RI	183	-1
314	61952	RI	70	-1
315	61952	RI	114	-1
316	5584	DP	22	-1
317	5584	DP	16	-1
318	86642	RV	183	-1
319	232	DP	5	-1
320	86468	HA	6	-1
321	86246	SU	11	-1
322	161984	CD	2	-1
323	86414	RI	39	-1
324	86414	RI	26	-1
325	80026	DP	52	-1
326	80026	DP	31	-1
327	80026	DP	2	-1
328	7866	BC	7	-1
329	86330	RI	91	-1
330	86598	DO	206	-1
331	86388	PO	72	-1
332	161956	SU	129	-1
333	5940	SU	17	-1
334	86634	CU	54	-1
335	81276	DP	21	-1
336	81276	DP	27	-1
337	81276	DP	218	-1
338	86616	XB	16	0
339	86672	BM	136	0
340	86676	SU	68	0
341	86388	PO	76	0
342	86388	PO	11	0
343	86388	PO	15	0
344	86388	PO	64	0
345	86496	RI	110	0
346	86496	RI	48	0
347	5514	XB	90	0

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
348	4914	CO	10	0
349	4914	CO	15	0
350	4914	CO	92	0
351	86598	DO	23	0
352	86598	DO	53	0
353	86598	DO	62	0
354	86598	DO	12	0
355	86598	DO	6	0
356	86598	DO	9	0
357	86598	DO	1	0
358	86598	DO	9	0
359	5668	RI	16	0
360	5668	RI	11	0
361	86290	SU	11	0
362	86290	SU	20	0
363	86290	SU	85	0
364	86716	DO	4	0
365	86204	RV	90	0
366	86204	RV	64	0
367	86204	RV	5	0
368	85862	PO	36	0
369	85862	PO	22	0
370	85862	PO	13	0
371	85862	PO	6	0
372	85862	PO	54	0
373	86482	RV	556	0
374	86482	RV	62	0
375	161954	CD	4	0
376	161954	CD	7	0
377	161950	CO	35	0
378	161950	RV	239	0
379	2976	DP	42	0
380	232	RI	19	0
381	61952	IF	232	0
382	61952	RI	130	0
383	86396	RI	24	0
384	86310	RI	21	0
385	86128	SU	2	0
386	86128	SU	4	0

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
387	86128	SU	374	0
388	86636	RI	1	0
389	7868	RI	4	0
390	7868	RI	54	0
391	7868	RI	40	0
392	7868	RI	4	0
393	7880	NC	24	0
394	86414	RI	3	0
395	61960	HA	7	0
396	86400	RI	18	0
397	86400	RI	21	0
398	86330	SU	10	0
399	7894	RI	1	0
400	86634	CU	96	0
401	81276	DP	49	0
402	81276	DP	26	0
403	41966	SU	3	0
404	86674	EF	100	1
405	86672	EF	229	1
406	86388	PO	54	1
407	86388	PO	9	1
408	86388	PO	259	1
409	86388	PO	17	1
410	85780	SU	62	1
411	86454	IL	19	1
412	86454	IL	21	1
413	86362	HA	10	1
414	4914	CO	4	1
415	4914	RI	9	1
416	86598	DO	16	1
417	86598	DO	12	1
418	5668	RI	7	1
419	86658	RV	4	1
420	86658	RV	30	1
421	86290	SU	5	1
422	86290	SU	8	1
423	85862	PO	41	1
424	85862	PO	15	1
425	86482	RV	21	1

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
426	86482	RV	6	1
427	86482	RV	18	1
428	86482	RV	17	1
429	86482	RV	215	1
430	86482	RV	154	1
431	61960	CD	25	1
432	161954	RI	182	1
433	161954	RI	151	1
434	161954	IF	170	1
435	86456	DP	110	1
436	86640	HA	5	1
437	86396	CD	42	1
438	86128	SU	8	1
439	86128	SU	11	1
440	250	SU	6	1
441	232	DP	53	1
442	86246	SU	1	1
443	79766	HA	13	1
444	86414	RI	57	1
445	86414	RI	33	1
446	86414	RI	73	1
447	80026	DP	78	1
448	86400	RI	79	1
449	86330	RI	223	1
450	86330	RI	36	1
451	86330	RI	78	1
452	7894	RI	17	1
453	86634	CU	8	1
454	86534	RV	304	1
455	7806	SU	2	1
456	7806	SU	15	1
457	86616	DO	26	2
458	86672	BM	141	2
459	86388	PO	145	2
460	86388	PO	60	2
461	86388	PO	52	2
462	86388	PO	312	2
463	86388	PO	9	2
464	86388	PO	57	2

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
465	86388	PO	56	2
466	86454	IL	17	2
467	5514	XB	53	2
468	86576	RV	109	2
469	85880	BC	34	2
470	85880	NC	18	2
471	86362	HA	28	2
472	86362	HA	88	2
473	86362	RV	76	2
474	86362	HA	43	2
475	4914	CO	8	2
476	4914	CO	6	2
477	86344	SU	71	2
478	86198	DP	13	2
479	86198	DP	8	2
480	86198	DP	77	2
481	86198	DP	40	2
482	86198	DP	38	2
483	4932	RI	136	2
484	86598	DO	9	2
485	5668	RI	49	2
486	86290	SU	35	2
487	86290	SU	37	2
488	86442	CD	46	2
489	82016	HA	85	2
490	161974	RI	23	2
491	86482	RV	37	2
492	86482	RV	196	2
493	85968	RV	54	2
494	85968	RV	102	2
495	161954	CD	83	2
496	161950	RV	328	2
497	2976	DP	57	2
498	61952	RI	170	2
499	86128	SU	12	2
500	120	SU	26	2
501	250	SU	14	2
502	250	SU	49	2
503	86642	RV	227	2

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
504	86642	RV	65	2
505	86636	RI	3	2
506	7868	RI	47	2
507	86474	DP	404	2
508	86414	RI	30	2
509	86414	RI	23	2
510	86414	RI	109	2
511	85830	SU	4	2
512	85830	SU	3	2
513	85830	SU	1	2
514	85880	NC	98	2
515	80026	DP	2	2
516	86400	RI	50	2
517	86400	RI	39	2
518	86400	RI	207	2
519	86400	RI	57	2
520	81446	IF	14	2
521	86330	RI	28	2
522	86330	SU	23	2
523	86330	RI	75	2
524	86330	RI	3	2
525	86330	RI	106	2
526	86330	RI	97	2
527	86634	XB	21	2
528	86634	XB	23	2
529	86634	CU	9	2
530	86534	RV	113	2
531	7806	SU	2	2
532	7806	SU	18	2
533	86660	NC	13	2
534	120	SU	37	2
535	81276	DP	134	2
536	86388	PO	21	3
537	86388	PO	16	3
538	5514	XB	50	3
539	5514	XB	79	3
540	85880	NC	26	3
541	4914	CO	4	3
542	4914	CO	6	3

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
543	4914	RI	9	3
544	86344	SU	137	3
545	86344	SU	46	3
546	86344	SU	44	3
547	86198	DP	35	3
548	86198	DP	37	3
549	86198	DP	48	3
550	232	HA	3	3
551	5668	RI	52	3
552	86290	SU	70	3
553	86482	RV	228	3
554	86482	RV	112	3
555	86482	RV	379	3
556	82016	SU	52	3
557	161954	IF	22	3
558	2976	DP	16	3
559	86106	RV	26	3
560	61952	IF	55	3
561	250	SU	27	3
562	250	SU	36	3
563	250	SU	21	3
564	86504	RV	44	3
565	7868	RI	77	3
566	7868	RI	15	3
567	86246	SU	16	3
568	79766	HA	1	3
569	86414	RI	31	3
570	86414	RI	50	3
571	86414	RI	82	3
572	86414	RI	41	3
573	86414	RI	24	3
574	86414	RI	130	3
575	7944	DP	134	3
576	86400	RI	236	3
577	86562	CD	21	3
578	86562	CD	27	3
579	86330	RI	133	3
580	86330	RI	184	3
581	86388	PO	28	3

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
582	86534	RV	34	3
583	81276	DP	141	3
584	81276	DP	363	3
585	81276	DP	87	3
586	5514	XB	90	4
587	85880	NC	24	4
588	86362	HA	32	4
589	4914	CO	115	4
590	86344	SU	81	4
591	86344	SU	18	4
592	86198	DP	65	4
593	86198	DP	5	4
594	86146	PO	26	4
595	86146	PO	73	4
596	86290	SU	83	4
597	85862	PO	178	4
598	85862	PO	264	4
599	86482	RV	399	4
600	85968	RV	94	4
601	86456	DP	213	4
602	86396	CD	14	4
603	86642	RV	104	4
604	7868	RI	99	4
605	86246	SU	32	4
606	86246	DP	36	4
607	80026	RV	190	4
608	161954	IF	75	4
609	86414	RI	4	4
610	85830	SU	15	4
611	85830	SU	25	4
612	80026	DP	50	4
613	86400	RI	124	4
614	86330	SU	116	4
615	86704	RO	3	4
616	7806	SU	21	4
617	86660	NC	9	4
618	81276	DP	92	4
619	86362	HA	76	5
620	86362	RV	126	5

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
621	4914	CO	19	5
622	121958	KA	18	5
623	86344	SU	20	5
624	86344	SU	45	5
625	86344	SU	94	5
626	86198	DP	27	5
627	86146	PO	156	5
628	86290	SU	61	5
629	86290	SU	3	5
630	86290	SU	12	5
631	86204	RV	23	5
632	85862	PO	178	5
633	161954	RI	121	5
634	86456	DP	86	5
635	86640	HA	13	5
636	7868	RI	15	5
637	7868	RI	23	5
638	86664	EF	250	5
639	86414	RI	124	5
640	86414	RI	21	5
641	86414	RI	80	5
642	86414	RI	60	5
643	85830	SU	35	5
644	80026	DP	78	5
645	86400	RI	191	5
646	86400	RI	141	5
647	81446	DP	1	5
648	86330	RI	13	5
649	86330	RI	143	5
650	86330	RI	182	5
651	86330	SU	23	5
652	86330	SU	7	5
653	86388	PO	76	5
654	86706	FN	23	5
655	86388	PO	169	6
656	85780	SU	60	6
657	86654	SU	25	6
658	85880	NC	20	6
659	7762	IF	18	6

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
660	86344	SU	24	6
661	86146	PO	57	6
662	86290	SU	31	6
663	82016	HA	8	6
664	86482	RV	41	6
665	82016	SU	74	6
666	86640	HA	38	6
667	86396	CD	55	6
668	5668	RI	206	6
669	86246	DP	185	6
670	86246	DP	113	6
671	86246	SU	38	6
672	86246	DP	16	6
673	86414	RI	22	6
674	86414	RI	82	6
675	86414	RI	58	6
676	86414	RI	34	6
677	85830	SU	53	6
678	80026	DP	52	6
679	80026	DP	191	6
680	80026	DP	200	6
681	86400	RI	207	6
682	86562	CD	25	6
683	2918	RI	190	6
684	2918	RI	213	6
685	86330	RI	132	6
686	86330	SU	24	6
687	86330	SU	2	6
688	86388	PO	108	6
689	86584	SU	33	6
690	5720	DP	2	6
691	86534	RV	236	6
692	7806	SU	12	6
693	86660	NC	5	6
694	81276	DP	208	6
695	81276	DP	236	6
696	7956	XB	39	7
697	86388	PO	69	7
698	86388	PO	268	7

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
699	86388	PO	185	7
700	86454	IL	87	7
701	86456	RV	65	7
702	86146	PO	43	7
703	86146	PO	6	7
704	86290	SU	17	7
705	86204	RV	139	7
706	86680	CD	28	7
707	86558	HA	25	7
708	82016	SU	18	7
709	161954	RI	156	7
710	86456	DP	242	7
711	61952	IF	41	7
712	61952	IF	37	7
713	86396	CD	2	7
714	61954	SU	34	7
715	86562	CD	70	7
716	86330	RI	102	7
717	86330	RI	115	7
718	86330	RI	64	7
719	86634	CU	89	7
720	5514	TX	21	7
721	81276	DP	99	7
722	86362	HA	103	7
723	86454	IL	23	8
724	86454	IL	25	8
725	5514	XB	95	8
726	4914	RI	70	8
727	4914	CO	1	8
728	121958	KA	17	8
729	86456	RV	8	8
730	86290	SU	42	8
731	41964	TX	18	8
732	86640	HA	2	8
733	61952	IF	95	8
734	7868	RI	69	8
735	79766	HA	43	8
736	86572	SU	12	8
737	86470	RI	162	8

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
738	86414	RI	75	8
739	86330	RI	10	8
740	86330	RI	144	8
741	86362	HA	156	8
742	86388	PO	71	8
743	86634	CU	79	8
744	5514	TX	25	8
745	81276	DP	138	8
746	81276	DP	201	8
747	81276	DP	53	8
748	86674	EF	93	9
749	7848	RI	80	9
750	5514	XB	191	9
751	5514	XB	91	9
752	5514	XB	65	9
753	86198	DP	29	9
754	86198	DP	77	9
755	86330	RI	160	9
756	86290	SU	6	9
757	86290	SU	167	9
758	82016	HA	68	9
759	82016	SU	60	9
760	161954	IF	5	9
761	79766	HA	9	9
762	79766	HA	9	9
763	80026	RV	78	9
764	80026	RV	62	9
765	86470	RI	157	9
766	86414	RI	84	9
767	86414	RI	52	9
768	86414	RI	48	9
769	85830	SU	54	9
770	80026	DP	74	9
771	80026	DP	37	9
772	80026	DP	80	9
773	80026	DP	139	9
774	81446	IF	29	9
775	2918	RI	207	9
776	2918	RI	64	9

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
777	86330	SU	69	9
778	86634	CU	102	9
779	86534	RV	38	9
780	81276	DP	304	9
781	41950	DP	91	10
782	5514	XB	125	10
783	5514	XB	90	10
784	86362	HA	30	10
785	86362	RV	14	10
786	86290	SU	24	10
787	82016	HA	29	10
788	82016	HA	26	10
789	86482	RV	186	10
790	41964	TX	21	10
791	232	SU	147	10
792	86396	CD	53	10
793	86474	SU	16	10
794	86330	RI	116	10
795	86634	CU	18	10
796	79766	HA	33	10
797	41950	DP	27	11
798	5514	XB	90	11
799	5514	XB	88	11
800	4914	RI	231	11
801	41956	SU	16	11
802	86558	HA	48	11
803	85968	RV	63	11
804	121956	SU	10	11
805	61952	IF	38	11
806	86246	RV	15	11
807	86414	RI	18	11
808	86696	CU	15	11
809	81276	DP	141	11
810	81276	DP	40	11
811	41950	DP	68	12
812	86496	RI	119	12
813	5514	XB	50	12
814	5514	XB	136	12

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
815	5514	XB	80	12
816	86576	RV	58	12
817	86362	RV	193	12
818	86362	HA	29	12
819	86290	SU	32	12
820	86680	CD	11	12
821	86558	HA	80	12
822	161954	IF	57	12
823	61952	IF	59	12
824	61952	IF	129	12
825	61954	SU	7	12
826	80026	DP	74	12
827	86330	RI	107	12
828	232	HA	58	12
829	5514	TX	21	12
830	5514	TX	20	12
831	81276	DP	202	12
832	232	SU	54	13
833	86576	RV	98	13
834	85880	NC	7	13
835	86456	RV	92	13
836	86146	PO	35	13
837	82016	HA	56	13
838	86482	RV	59	13
839	86558	HA	110	13
840	2976	DP	33	13
841	232	SU	2	13
842	61954	SU	33	13
843	5668	RI	63	13
844	85830	SU	2	13
845	41950	XB	26	14
846	41950	DP	11	14
847	5514	XB	63	14
848	5514	XB	54	14
849	86362	RV	226	14
850	86482	RV	223	14
851	86558	HA	75	14
852	232	HA	23	14

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
853	250	SU	32	14
854	79766	HA	41	14
855	79766	HA	2	14
856	86706	FN	1	14
857	86550	RV	68	14
858	86534	RV	147	14
859	81276	DP	162	14
860	86362	HA	71	15
861	86290	SU	16	15
862	85968	RV	88	15
863	2976	DP	62	15
864	86396	CD	7	15
865	85870	RV	81	15
866	86706	FN	9	15
867	5514	XB	39	16
868	86576	RV	11	16
869	4914	RI	81	16
870	79766	HA	42	16
871	86572	CO	110	16
872	85780	SU	55	17
873	86284	RV	86	17
874	86456	RV	58	17
875	82016	HA	41	17
876	86414	RI	248	17
877	121956	SU	42	17
878	232	DP	26	17
879	85780	SU	4	18
880	5514	XB	57	18
881	82016	HA	60	18
882	161954	IF	7	18
883	86640	HA	3	18
884	61952	IF	69	18
885	61952	IF	25	18
886	61952	IF	60	18
887	41964	TX	72	18
888	86132	RV	38	19
889	86106	RV	26	19
890	61952	IF	61	19
891	121956	SU	85	19

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
892	81276	DP	402	19
893	81276	DP	310	19
894	81276	DP	59	19
895	86518	TU	40	20
896	121958	KA	30	20
897	86146	PO	45	20
898	86558	HA	39	20
899	161954	IF	27	20
900	61952	IF	125	20
901	86414	RI	97	20
902	85830	RI	101	20
903	7894	RI	7	20
904	5514	TX	37	20
905	81276	DP	106	20
906	41966	SU	2	20
907	86204	RV	40	21
908	86414	RI	109	21
909	80026	DP	511	21
910	86090	SU	30	21
911	5514	XB	120	22
912	86190	DP	211	22
913	86640	HA	28	22
914	61952	IF	13	22
915	61952	IF	214	22
916	690	SU	10	22
917	86246	RV	214	22
918	79766	HA	45	22
919	79766	HA	27	22
920	79766	HA	20	22
921	86330	RI	19	23
922	86146	SU	48	23
923	85830	SU	44	23
924	41966	SU	40	23
925	41964	TX	15	24
926	86396	CD	47	24
927	79766	HA	5	24
928	79766	HA	105	24
929	86388	PO	8	25
930	5514	XB	75	25

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
931	86576	RV	36	25
932	86198	DP	7	25
933	86456	DP	173	25
934	61952	IF	272	25
935	80026	DP	263	25
936	86330	RI	196	25
937	86090	SU	13	25
938	81276	DP	136	25
939	85880	NC	40	26
940	85968	RV	243	26
941	86414	RI	209	26
942	5514	TX	50	26
943	86146	PO	2	27
944	81276	DP	426	27
945	5514	XB	236	28
946	86576	RV	98	28
947	86558	HA	13	28
948	85968	RV	258	28
949	121956	SU	11	28
950	5720	DP	64	28
951	7762	IF	10	29
952	41956	SU	3	29
953	121956	SU	1	29
954	41964	TX	5	29
955	232	RI	103	29
956	85870	RV	134	29
957	81446	DP	30	29
958	41964	TX	37	30
959	86706	FN	17	30
960	5514	XB	162	31
961	86576	RV	30	31
962	161954	IF	15	31
963	121956	SU	2	31
964	5514	TX	22	31
965	5514	XB	47	32
966	86414	RI	109	32
967	86558	HA	14	33
968	86290	SU	35	33
969	121956	SU	19	33

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (CARC-IST)
970	41966	SU	38	33
971	86668	EF	8	34
972	5514	XB	105	34
973	86716	CO	2	34
974	690	SU	85	34
975	86090	SU	3	34
976	86540	FN	18	36
977	4932	RI	44	36
978	86706	FN	39	37
979	81276	DP	431	37
980	5514	XB	86	38
981	690	SU	26	38
982	86284	RV	20	39
983	7880	TU	11	40
984	81446	IF	5	40
985	86572	SU	3	41
986	41966	SU	15	41
987	5514	TX	24	42
988	5514	XB	199	44
989	86518	TU	19	46
990	86362	BL	182	46
991	690	SU	59	46
992	86400	RI	58	46
993	86090	SU	2	46
994	86090	SU	7	47
995	5514	TX	18	47
996	86706	FN	76	48
997	86198	DP	1	50
998	5514	TX	23	50
999	61952	IF	124	51
1000	81276	DP	280	51
1001	5514	XB	28	53
1002	86518	TU	64	55
1003	5514	TX	22	55
1004	86634	XB	10	56
1005	5514	XB	65	58
1006	86706	FN	12	67
1007	5514	XB	53	73

Tableau 13. Différentiel, en rang centile, par bélier des indices GAIN et ISC.

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)	ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)
1	161950	CO	313	-43	38	86496	RI	42	-21
2	640	DP	75	-42	39	86146	PO	5	-21
3	161984	CD	5	-39	40	86204	RV	60	-21
4	85780	DP	27	-37	41	2976	DP	126	-21
5	85780	SU	49	-36	42	640	DP	48	-20
6	161984	CD	6	-35	43	86448	RI	50	-20
7	161950	CO	118	-34	44	161954	CD	23	-20
8	161956	SU	139	-34	45	61952	RI	137	-20
9	86496	RI	48	-33	46	61952	RI	316	-20
10	2918	RI	147	-33	47	86396	CD	19	-20
11	4914	CO	28	-31	48	61952	RI	104	-19
12	161984	CD	3	-30	49	2918	RI	42	-19
13	86400	RI	25	-30	50	121958	WD	73	-19
14	86442	CD	5	-29	51	272	SU	27	-19
15	86442	SU	182	-29	52	161950	RV	4	-18
16	86330	SU	17	-29	53	61952	RI	137	-18
17	86634	XB	122	-29	54	86246	SU	47	-18
18	86716	XB	18	-28	55	7866	BC	36	-18
19	7806	SO	86	-28	56	4962	XB	11	-17
20	121958	SU	72	-28	57	86204	RV	11	-17
21	86496	RI	34	-27	58	86456	DP	215	-17
22	4914	RI	258	-26	59	86246	SU	24	-17
23	86448	RI	73	-26	60	2918	RI	219	-17
24	86496	RI	88	-24	61	86330	SU	21	-17
25	161954	RI	53	-24	62	232	DP	26	-17
26	86362	BL	7	-24	63	86388	PO	133	-16
27	86562	CD	47	-24	64	86330	SU	7	-16
28	4962	XB	9	-23	65	5940	SU	17	-16
29	86362	HA	122	-23	66	86388	PO	132	-15
30	4914	CO	24	-23	67	86388	PO	109	-15
31	86676	SU	68	-22	68	86616	DO	164	-15
32	86454	IL	28	-22	69	61952	IF	70	-15
33	640	DP	5	-22	70	2918	RI	101	-15
34	61952	RI	25	-22	71	2918	RI	292	-15
35	61952	RI	84	-22	72	86634	XB	63	-15
36	272	SU	4	-22	73	61960	DP	5	-14
37	86726	DO	5	-21	74	161950	CO	14	-14

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)	ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)
75	61952	RI	96	-14	113	86388	PO	34	-10
76	86662	XB	59	-14	114	86388	PO	11	-10
77	161984	SH	1	-14	115	640	DP	37	-10
78	7866	BC	3	-14	116	2976	DP	32	-10
79	61960	DP	5	-14	117	2976	DP	7	-10
80	161984	SH	4	-13	118	61952	RI	41	-10
81	86518	NC	42	-13	119	86246	SU	75	-10
82	86454	IL	38	-13	120	80026	RV	87	-10
83	86482	RV	108	-13	121	80026	DP	25	-10
84	161954	RI	184	-13	122	2918	RI	315	-10
85	161954	RI	146	-13	123	2918	RI	128	-10
86	161954	RI	41	-13	124	86668	EF	80	-9
87	161954	CO	29	-13	125	4962	XB	24	-9
88	61952	RI	54	-13	126	4962	XB	3	-9
89	7866	BC	10	-13	127	86388	PO	8	-9
90	86330	RI	18	-13	128	86674	EF	126	-9
91	86184	RI	3	-13	129	86598	DO	3	-9
92	120	HA	1	-13	130	86146	PO	122	-9
93	4914	CO	6	-12	131	86204	RV	12	-9
94	86598	DO	6	-12	132	161954	CD	7	-9
95	86442	CD	47	-12	133	86456	DP	34	-9
96	86400	RI	11	-12	134	161950	RV	45	-9
97	86330	SU	33	-12	135	2976	DP	3	-9
98	5940	SU	33	-12	136	61952	RI	183	-9
99	120	HA	1	-12	137	7868	RI	2	-9
100	272	SU	2	-12	138	86330	SU	69	-9
101	4962	XB	3	-11	139	120	HA	1	-9
102	161984	DH	14	-11	140	7806	IF	24	-9
103	86674	EF	154	-11	141	86518	NC	17	-8
104	85780	SU	4	-11	142	85880	BC	34	-8
105	86598	DO	44	-11	143	86290	SU	15	-8
106	86204	RV	55	-11	144	86204	RV	78	-8
107	161954	RI	1	-11	145	85968	RV	94	-8
108	2976	DP	25	-11	146	161954	RI	116	-8
109	2976	DP	30	-11	147	161954	RI	80	-8
110	61952	RI	90	-11	148	161950	CO	30	-8
111	7806	SU	11	-11	149	161950	RV	54	-8
112	272	SU	4	-11	150	161950	RV	61	-8

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)	ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)
151	61952	RI	243	-8	189	2976	DP	2	-6
152	86396	CD	16	-8	190	86414	RI	45	-6
153	120	SU	1	-8	191	86414	RI	39	-6
154	86414	RI	8	-8	192	7806	SO	12	-6
155	2918	RI	19	-8	193	80026	DP	52	-6
156	7866	BC	11	-8	194	272	SU	44	-6
157	7866	BC	3	-8	195	5584	DP	10	-6
158	86330	RI	23	-8	196	161984	SH	8	-5
159	86330	RI	41	-8	197	86454	IL	19	-5
160	7806	SU	77	-8	198	86454	IL	21	-5
161	86634	XB	135	-8	199	4914	CO	29	-5
162	86534	RV	279	-8	200	86598	DO	4	-5
163	86388	PO	11	-7	201	86290	SU	3	-5
164	86388	PO	111	-7	202	82016	HA	29	-5
165	86454	IL	12	-7	203	86204	RV	10	-5
166	86362	HA	44	-7	204	161954	IF	2	-5
167	161974	CD	2	-7	205	161954	IF	31	-5
168	86482	RV	76	-7	206	2918	RI	26	-5
169	161954	RI	7	-7	207	86388	PO	109	-5
170	161954	IF	22	-7	208	5720	DP	56	-5
171	161954	RI	3	-7	209	5940	SU	1	-5
172	161954	CO	6	-7	210	5940	DP	9	-5
173	86456	DP	27	-7	211	86534	RV	113	-5
174	2976	DP	1	-7	212	86534	RV	147	-5
175	61952	RI	12	-7	213	272	SU	6	-5
176	86642	RV	21	-7	214	86388	PO	71	-4
177	86642	RV	183	-7	215	85780	SU	53	-4
178	86246	SU	48	-7	216	86598	DO	16	-4
179	86414	RI	84	-7	217	86658	RV	4	-4
180	86128	SU	3	-7	218	86290	SU	247	-4
181	272	SU	12	-7	219	161954	RI	40	-4
182	86634	XB	155	-7	220	161950	CO	106	-4
183	272	SU	11	-7	221	2976	DP	10	-4
184	85880	NC	14	-6	222	2976	DP	11	-4
185	86598	DO	34	-6	223	86396	RI	17	-4
186	86598	DO	6	-6	224	86642	RV	24	-4
187	86362	BL	36	-6	225	86572	CO	12	-4
188	2976	DP	49	-6	226	86246	SU	1	-4

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)	ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)
227	86330	RI	4	-4	265	272	SU	1	-3
228	86388	PO	36	-4	266	86388	PO	15	-2
229	86634	CU	10	-4	267	86388	PO	6	-2
230	120	HA	4	-4	268	86496	RI	25	-2
231	272	SU	8	-4	269	86576	RV	55	-2
232	81276	DP	51	-4	270	4914	CO	48	-2
233	4962	XB	9	-3	271	640	DP	24	-2
234	86388	PO	298	-3	272	640	DP	39	-2
235	86576	RV	116	-3	273	86598	DO	1	-2
236	86362	RV	5	-3	274	86598	DO	23	-2
237	4914	CO	10	-3	275	86598	DO	12	-2
238	640	DP	121	-3	276	86290	SU	8	-2
239	86598	DO	10	-3	277	86290	SU	10	-2
240	86598	DO	26	-3	278	82016	HA	209	-2
241	86290	SU	23	-3	279	161974	CD	251	-2
242	86448	RI	90	-3	280	61960	CD	25	-2
243	86128	SU	22	-3	281	161954	IF	1	-2
244	161954	RI	3	-3	282	161954	CD	57	-2
245	161954	RI	5	-3	283	86456	DP	57	-2
246	161954	CD	37	-3	284	161950	RV	275	-2
247	161954	CD	6	-3	285	2976	DP	10	-2
248	2976	DP	19	-3	286	61952	RI	12	-2
249	61952	RI	196	-3	287	61952	RI	74	-2
250	86128	SU	378	-3	288	86396	CD	52	-2
251	161984	CD	6	-3	289	5584	DP	22	-2
252	5668	RI	92	-3	290	5584	DP	19	-2
253	86414	RI	26	-3	291	86128	SU	7	-2
254	86414	RI	3	-3	292	86642	RV	48	-2
255	86414	RI	65	-3	293	86642	RV	65	-2
256	2918	RI	213	-3	294	86636	RI	1	-2
257	86330	SU	2	-3	295	232	DP	5	-2
258	86330	RI	61	-3	296	161984	CD	2	-2
259	86330	SU	134	-3	297	86360	DP	13	-2
260	7866	BC	45	-3	298	7866	BC	7	-2
261	5940	SU	17	-3	299	86330	RI	231	-2
262	86634	XB	8	-3	300	86330	SU	23	-2
263	86534	RV	330	-3	301	86388	PO	41	-2
264	7806	SU	12	-3	302	86550	RV	68	-2

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)	ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)
303	81276	DP	218	-2	341	80026	DP	4	-1
304	86388	PO	54	-1	342	86400	RI	127	-1
305	86388	PO	57	-1	343	86330	RI	133	-1
306	86388	PO	16	-1	344	86634	XB	9	-1
307	86388	PO	52	-1	345	86634	XB	32	-1
308	86388	PO	17	-1	346	86634	CU	45	-1
309	86388	PO	57	-1	347	81276	DP	31	-1
310	86496	RI	48	-1	348	86362	HA	106	-1
311	86576	RV	54	-1	349	41966	SU	3	-1
312	85880	BC	15	-1	350	86616	DO	26	0
313	85880	NC	18	-1	351	86616	XB	16	0
314	7762	IF	2	-1	352	86672	BM	136	0
315	4914	RI	258	-1	353	5584	DP	17	0
316	640	DP	3	-1	354	86388	PO	68	0
317	86598	DO	62	-1	355	86388	PO	9	0
318	5668	RI	11	-1	356	86388	PO	327	0
319	86146	PO	199	-1	357	86388	PO	11	0
320	86290	SU	167	-1	358	86388	PO	56	0
321	82016	HA	210	-1	359	86454	IL	17	0
322	161974	RI	33	-1	360	86496	RI	110	0
323	161974	RI	3	-1	361	5514	XB	90	0
324	85862	PO	6	-1	362	86576	RV	30	0
325	86482	RV	196	-1	363	86362	HA	76	0
326	86482	RV	64	-1	364	4914	CO	4	0
327	82016	SU	26	-1	365	4914	CO	15	0
328	161954	RI	23	-1	366	4914	CO	5	0
329	86456	DP	74	-1	367	86198	DP	25	0
330	161950	CO	83	-1	368	86198	DP	87	0
331	2976	DP	47	-1	369	640	DP	59	0
332	2976	DP	21	-1	370	86598	DO	12	0
333	2976	DP	6	-1	371	86598	DO	1	0
334	61952	RI	174	-1	372	86598	DO	21	0
335	61952	RI	114	-1	373	5668	RI	76	0
336	86128	SU	4	-1	374	86290	SU	11	0
337	86636	RI	3	-1	375	86290	SU	8	0
338	86468	HA	6	-1	376	86290	SU	30	0
339	80026	RV	72	-1	377	86716	DO	4	0
340	86360	DP	88	-1	378	82016	HA	131	0

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)	ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)
379	86204	RV	5	0	417	2918	RI	528	0
380	85862	PO	36	0	418	2918	RI	145	0
381	85862	PO	22	0	419	86330	RI	16	0
382	85862	PO	13	0	420	86330	RI	4	0
383	85862	PO	6	0	421	86330	RI	223	0
384	85862	PO	54	0	422	86330	RI	78	0
385	86482	RV	40	0	423	86330	RI	184	0
386	86482	RV	74	0	424	7894	RI	1	0
387	161954	RI	5	0	425	86598	DO	229	0
388	161954	CD	4	0	426	272	SU	22	0
389	161954	RI	121	0	427	161956	SU	129	0
390	161954	CD	7	0	428	7806	SU	2	0
391	161950	RV	80	0	429	86388	PO	9	1
392	161950	CO	50	0	430	86654	SU	13	1
393	161950	CO	13	0	431	86454	IL	29	1
394	161950	RV	11	0	432	86454	IL	21	1
395	161950	RV	356	0	433	86454	IL	87	1
396	2976	DP	98	0	434	86576	RV	62	1
397	2976	DP	49	0	435	85880	NC	18	1
398	41964	TX	3	0	436	86362	RV	14	1
399	232	RI	19	0	437	86362	HA	10	1
400	61952	IF	95	0	438	86362	HA	43	1
401	61952	RI	148	0	439	7762	IF	49	1
402	86396	RI	24	0	440	4914	CO	19	1
403	86310	RI	21	0	441	4914	RI	231	1
404	7868	RI	15	0	442	4914	CO	92	1
405	7868	RI	4	0	443	4914	RI	9	1
406	7868	RI	54	0	444	86344	SU	71	1
407	7868	RI	47	0	445	86198	DP	8	1
408	7868	RI	4	0	446	86198	DP	5	1
409	86246	SU	11	0	447	86598	DO	23	1
410	79766	HA	13	0	448	86598	DO	53	1
411	86414	RI	10	0	449	86658	RV	30	1
412	86414	RI	8	0	450	86290	SU	3	1
413	86414	RI	73	0	451	86290	SU	70	1
414	80026	DP	1	0	452	86290	SU	35	1
415	86400	RI	41	0	453	86290	SU	5	1
416	86400	RI	97	0	454	86290	SU	20	1

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)	ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)
455	82016	HA	85	1	493	86330	RI	36	1
456	82016	HA	70	1	494	86330	RI	91	1
457	86448	RI	67	1	495	86330	RI	78	1
458	86204	RV	23	1	496	86330	RI	106	1
459	85862	PO	41	1	497	86330	RI	97	1
460	85862	PO	15	1	498	86330	RI	69	1
461	86482	RV	21	1	499	86584	SU	33	1
462	85968	RV	122	1	500	86634	CU	98	1
463	82016	SU	52	1	501	7806	SU	15	1
464	82016	SU	18	1	502	7806	SU	21	1
465	161954	IF	170	1	503	81276	DP	78	1
466	161954	CD	83	1	504	81276	DP	26	1
467	2976	DP	31	1	505	86388	PO	170	2
468	232	SU	147	1	506	85996	RI	52	2
469	86106	RV	26	1	507	5514	XB	53	2
470	86128	SU	8	1	508	5514	XB	50	2
471	86128	SU	11	1	509	5514	XB	79	2
472	250	SU	27	1	510	85880	NC	24	2
473	250	SU	14	1	511	85880	NC	26	2
474	250	SU	6	1	512	86362	HA	88	2
475	250	SU	49	1	513	4914	CO	8	2
476	86642	RV	268	1	514	4914	CO	6	2
477	7868	RI	23	1	515	4914	CO	4	2
478	7868	RI	99	1	516	4914	CO	115	2
479	7868	RI	40	1	517	4914	CO	6	2
480	7880	NC	24	1	518	86198	DP	47	2
481	86360	DP	25	1	519	86198	DP	48	2
482	86414	RI	52	1	520	86198	DP	48	2
483	86414	RI	3	1	521	86198	DP	46	2
484	86414	RI	50	1	522	4932	RI	136	2
485	86414	RI	108	1	523	86598	DO	16	2
486	86414	RI	82	1	524	86598	DO	14	2
487	61960	HA	7	1	525	5668	RI	16	2
488	80026	DP	91	1	526	5668	RI	4	2
489	80026	DP	2	1	527	5668	RI	7	2
490	86400	RI	18	1	528	86204	RV	90	2
491	86400	RI	39	1	529	86482	RV	154	2
492	86400	RI	17	1	530	86482	RV	228	2

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)	ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)
531	82016	SU	74	2	569	85780	SU	62	3
532	85968	RV	54	2	570	86362	HA	32	3
533	85968	RV	243	2	571	86362	RV	86	3
534	161954	IF	3	2	572	4914	RI	9	3
535	161950	CO	35	2	573	86598	DO	23	3
536	2976	DP	57	2	574	86598	DO	9	3
537	232	SU	2	2	575	5668	RI	49	3
538	86640	HA	40	2	576	86290	SU	85	3
539	86640	PO	27	2	577	82016	HA	68	3
540	86640	HA	5	2	578	85862	PO	264	3
541	86128	SU	12	2	579	86482	RV	112	3
542	250	SU	36	2	580	86640	HA	2	3
543	250	SU	21	2	581	61952	RI	168	3
544	86504	RV	44	2	582	86642	RV	145	3
545	7868	RI	15	2	583	7868	RI	77	3
546	86414	RI	124	2	584	5668	RI	1	3
547	86414	RI	21	2	585	86414	RI	31	3
548	86414	RI	41	2	586	86414	RI	23	3
549	86414	RI	4	2	587	86414	RI	16	3
550	85880	NC	98	2	588	85830	SU	15	3
551	80026	DP	2	2	589	85830	SU	3	3
552	86400	RI	21	2	590	86400	RI	50	3
553	81446	IF	14	2	591	86400	RI	141	3
554	86330	RI	126	2	592	2918	RI	133	3
555	86330	RI	97	2	593	86562	CD	27	3
556	86330	SU	2	2	594	86330	RI	35	3
557	161984	DH	13	2	595	86330	RI	28	3
558	86388	PO	28	2	596	86330	RI	143	3
559	86634	CU	71	2	597	86330	RI	3	3
560	86534	RV	34	2	598	86330	SU	43	3
561	7806	SU	2	2	599	7894	RI	19	3
562	7806	SU	18	2	600	86388	PO	72	3
563	86660	NC	13	2	601	86634	XB	23	3
564	81276	DP	141	2	602	86534	RV	38	3
565	86672	BM	141	3	603	81276	DP	134	3
566	86388	PO	163	3	604	81276	DP	27	3
567	86388	PO	83	3	605	86674	EF	93	4
568	86388	PO	185	3	606	85780	SU	60	4

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)	ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)
607	86654	SU	27	4	645	86330	RI	149	4
608	5514	XB	90	4	646	86330	RI	203	4
609	86576	RV	98	4	647	86330	RI	182	4
610	85880	NC	20	4	648	86330	RI	64	4
611	4914	CO	1	4	649	86388	PO	76	4
612	86198	DP	38	4	650	86388	PO	108	4
613	86198	DP	79	4	651	86584	SU	50	4
614	86198	DP	27	4	652	81276	DP	92	4
615	86284	DP	54	4	653	81276	DP	233	4
616	5668	RI	52	4	654	81276	DP	13	4
617	86146	PO	26	4	655	7956	XB	39	5
618	86146	PO	156	4	656	86388	PO	76	5
619	86290	SU	37	4	657	85880	NC	7	5
620	86204	RV	139	4	658	86344	SU	137	5
621	161974	RI	23	4	659	86198	DP	77	5
622	85862	PO	178	4	660	86290	SU	78	5
623	86482	RV	49	4	661	86290	SU	32	5
624	86482	RV	215	4	662	82016	HA	8	5
625	161954	RI	182	4	663	85862	PO	178	5
626	86456	DP	59	4	664	86482	RV	94	5
627	161950	RV	176	4	665	82016	SU	60	5
628	2976	DP	62	4	666	86396	CD	2	5
629	86640	HA	13	4	667	86246	DP	36	5
630	86106	RV	26	4	668	86414	RI	57	5
631	86396	CD	3	4	669	86414	RI	33	5
632	5668	RI	206	4	670	7944	DP	137	5
633	86246	SU	32	4	671	82090	DP	6	5
634	86246	SU	48	4	672	80026	DP	50	5
635	161954	IF	78	4	673	86400	RI	238	5
636	86414	RI	30	4	674	86400	RI	124	5
637	86414	RI	52	4	675	86562	CD	23	5
638	85830	SU	4	4	676	86330	SU	24	5
639	85830	SU	1	4	677	86362	HA	156	5
640	82090	DP	10	4	678	86634	CU	8	5
641	80026	DP	23	4	679	86660	NC	9	5
642	86400	RI	207	4	680	86660	NC	5	5
643	86400	RI	207	4	681	81276	DP	254	5
644	86400	RI	191	4	682	81276	DP	53	5

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)	ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)
683	86388	PO	268	6	721	232	SU	54	7
684	86454	IL	25	6	722	86674	EF	132	7
685	5514	XB	95	6	723	5514	XB	125	7
686	5514	XB	136	6	724	5514	XB	91	7
687	5514	XB	65	6	725	4914	RI	84	7
688	5514	XB	80	6	726	86344	SU	81	7
689	86362	RV	191	6	727	86344	SU	46	7
690	121958	KA	22	6	728	86344	SU	94	7
691	86146	PO	57	6	729	232	HA	3	7
692	86146	PO	43	6	730	86290	SU	98	7
693	86482	RV	556	6	731	86204	RV	64	7
694	86482	RV	41	6	732	86680	CD	11	7
695	86482	RV	404	6	733	250	SU	37	7
696	85968	RV	63	6	734	61954	SU	33	7
697	161954	RI	151	6	735	86246	DP	16	7
698	86456	DP	213	6	736	79766	HA	18	7
699	86396	CD	56	6	737	80026	RV	190	7
700	120	SU	26	6	738	86414	RI	60	7
701	7868	RI	69	6	739	86414	RI	24	7
702	5668	RI	63	6	740	86400	RI	57	7
703	86246	SU	16	6	741	86562	CD	25	7
704	86414	RI	84	6	742	86330	RI	132	7
705	86414	RI	22	6	743	86330	RI	10	7
706	86414	RI	83	6	744	232	HA	58	7
707	86414	RI	18	6	745	5720	DP	2	7
708	86414	RI	48	6	746	86634	XB	21	7
709	86414	RI	34	6	747	81276	DP	332	7
710	86414	RI	130	6	748	81276	DP	363	7
711	80026	DP	97	6	749	81276	DP	12	7
712	2918	RI	135	6	750	5514	XB	191	8
713	86330	RI	116	6	751	5514	XB	90	8
714	86330	RI	115	6	752	86290	SU	112	8
715	86704	RO	3	6	753	82016	HA	33	8
716	7806	SU	43	6	754	82016	HA	26	8
717	86388	PO	71	6	755	86558	HA	30	8
718	86584	DP	34	6	756	86456	DP	149	8
719	86634	CU	9	6	757	2976	DP	33	8
720	81276	DP	87	6	758	232	RI	103	8

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)	ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)
759	61952	IF	37	8	797	85830	SU	25	9
760	86474	DP	404	8	798	80026	DP	200	9
761	86246	RV	15	8	799	86706	FN	23	9
762	79766	HA	1	8	800	120	SU	37	9
763	79766	HA	43	8	801	81276	DP	141	9
764	79766	HA	9	8	802	81276	DP	40	9
765	86414	RI	248	8	803	86496	RI	119	10
766	86414	RI	82	8	804	5514	XB	39	10
767	82090	DP	1	8	805	86576	RV	71	10
768	82090	DP	6	8	806	86576	RV	109	10
769	80026	DP	8	8	807	86362	HA	31	10
770	80026	DP	2	8	808	7762	IF	9	10
771	2918	RI	190	8	809	86290	SU	17	10
772	86090	SU	30	8	810	82016	HA	56	10
773	86696	CU	15	8	811	86482	RV	399	10
774	81276	DP	201	8	812	161954	IF	2	10
775	86672	EF	229	9	813	61952	IF	241	10
776	7848	RI	80	9	814	86474	SU	16	10
777	5514	XB	63	9	815	79766	HA	9	10
778	5514	XB	50	9	816	80026	RV	62	10
779	5514	XB	90	9	817	86470	RI	157	10
780	5514	XB	88	9	818	85830	SU	53	10
781	86344	SU	24	9	819	86634	CU	96	10
782	86344	SU	20	9	820	81276	DP	138	10
783	86344	SU	45	9	821	41966	SU	40	10
784	86344	SU	18	9	822	41950	DP	11	11
785	86456	RV	65	9	823	5514	XB	120	11
786	86330	RI	160	9	824	5514	XB	54	11
787	86146	PO	6	9	825	86362	HA	28	11
788	86482	RV	59	9	826	86362	RV	193	11
789	86482	RV	31	9	827	86456	RV	92	11
790	161954	RI	156	9	828	86456	RV	15	11
791	61952	IF	182	9	829	86290	SU	31	11
792	61954	SU	34	9	830	86290	SU	16	11
793	86246	DP	113	9	831	82016	HA	41	11
794	86470	RI	162	9	832	86482	RV	186	11
795	86414	RI	69	9	833	86558	HA	48	11
796	85830	SU	35	9	834	85968	RV	88	11

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)	ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)
835	161954	IF	10	11	873	81276	DP	59	13
836	86456	DP	216	11	874	86388	PO	8	14
837	86456	DP	278	11	875	5514	XB	57	14
838	86396	CD	53	11	876	86362	RV	287	14
839	85870	RV	81	11	877	86146	PO	35	14
840	7880	TU	11	11	878	86146	PO	89	14
841	86246	DP	185	11	879	86290	SU	42	14
842	79766	HA	2	11	880	86680	CD	28	14
843	80026	RV	129	11	881	86558	HA	80	14
844	86414	RI	75	11	882	86664	EF	250	14
845	85830	RI	109	11	883	5514	TX	25	14
846	85830	SU	2	11	884	81276	DP	402	14
847	2918	RI	64	11	885	41950	XB	26	15
848	5514	TX	21	11	886	5514	XB	236	15
849	86576	RV	30	12	887	86576	RV	11	15
850	121958	KA	18	12	888	4914	RI	81	15
851	86198	DP	40	12	889	86290	SU	26	15
852	86290	SU	7	12	890	86132	RV	38	15
853	82016	HA	60	12	891	86558	HA	75	15
854	86482	RV	223	12	892	161954	IF	57	15
855	86558	HA	110	12	893	161954	IF	7	15
856	161954	IF	25	12	894	232	HA	23	15
857	61952	IF	59	12	895	690	SU	10	15
858	86396	CD	7	12	896	86572	SU	12	15
859	61954	SU	7	12	897	85830	SU	54	15
860	80026	DP	191	12	898	80026	DP	52	15
861	86562	CD	70	12	899	80026	DP	31	15
862	81446	IF	29	12	900	81446	DP	1	15
863	86090	SU	13	12	901	86634	CU	102	15
864	81276	DP	9	12	902	5514	TX	20	15
865	85780	SU	55	13	903	81276	DP	235	15
866	86442	CD	40	13	904	81276	DP	132	15
867	86640	HA	3	13	905	79766	HA	33	15
868	61952	IF	104	13	906	86454	IL	23	16
869	86414	RI	109	13	907	85880	NC	40	16
870	7894	RI	7	13	908	86362	HA	29	16
871	81276	DP	162	13	909	86198	DP	7	16
872	81276	DP	310	13	910	41956	SU	16	16

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)	ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)
911	86396	CD	14	16	949	86344	SU	44	21
912	250	SU	32	16	950	41964	TX	18	21
913	86706	FN	9	16	951	61952	IF	68	21
914	81276	DP	106	16	952	61952	IF	25	21
915	41950	DP	68	17	953	79766	HA	20	21
916	5514	XB	75	17	954	86706	FN	15	21
917	86456	RV	58	17	955	5720	DP	64	21
918	86330	RI	19	17	956	86634	CU	18	21
919	86558	HA	39	17	957	86634	CU	89	21
920	86290	SU	32	17	958	85780	SU	4	22
921	80026	DP	74	17	959	86576	RV	1	22
922	80026	DP	80	17	960	121956	SU	10	22
923	80026	DP	139	17	961	121956	SU	1	22
924	121956	SU	42	17	962	41964	TX	5	22
925	86090	SU	3	17	963	61952	IF	13	22
926	5514	TX	37	17	964	61952	IF	69	22
927	81276	DP	426	17	965	61952	IF	63	22
928	86674	EF	100	18	966	79766	HA	41	22
929	5514	XB	162	18	967	85830	SU	44	22
930	86362	HA	71	18	968	80026	DP	74	22
931	121956	SU	85	18	969	5514	TX	22	22
932	2918	RI	210	18	970	41966	SU	38	22
933	5514	TX	21	18	971	121958	KA	42	23
934	41966	SU	2	18	972	86558	HA	14	23
935	86190	DP	211	19	973	85968	RV	258	23
936	86540	FN	18	19	974	86640	HA	28	23
937	86204	RV	40	19	975	5514	XB	47	24
938	41964	TX	72	19	976	61952	IF	38	24
939	86246	RV	235	19	977	232	DP	181	24
940	79766	HA	42	19	978	80026	DP	304	24
941	80026	DP	37	19	979	41950	DP	91	25
942	41950	DP	27	20	980	86284	RV	86	25
943	86576	RV	54	20	981	121956	SU	2	25
944	86146	PO	2	20	982	61952	IF	133	25
945	86146	SU	48	20	983	86634	CU	99	25
946	61952	IF	61	20	984	86576	RV	98	26
947	85870	RV	134	20	985	61952	IF	272	26
948	5514	XB	105	21	986	690	SU	26	26

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)
987	41956	SU	3	27
988	4932	RI	44	27
989	161954	IF	15	27
990	86456	DP	173	27
991	41964	TX	15	27
992	86572	CO	110	27
993	81276	DP	136	27
994	79766	HA	105	27
995	86558	HA	13	28
996	86716	CO	2	28
997	41964	TX	21	28
998	121956	SU	11	28
999	86414	RI	97	28
1000	5514	XB	199	29
1001	85968	RV	40	29
1002	79766	HA	27	29
1003	80026	DP	511	29
1004	86518	TU	40	30
1005	5514	XB	86	30
1006	79766	HA	45	30
1007	86330	RI	196	30
1008	86668	EF	8	32
1009	86396	CD	47	32
1010	690	SU	85	32
1011	79766	HA	5	32
1012	81446	DP	30	32
1013	86290	SU	35	33
1014	61952	IF	286	33
1015	86400	RI	58	33
1016	5514	TX	24	33
1017	121956	SU	19	33
1018	7762	IF	33	34
1019	86090	SU	2	34
1020	5514	XB	28	35
1021	86706	FN	17	35
1022	86090	SU	7	35
1023	86414	RI	237	36
1024	5514	TX	23	37

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (GAIN-ISC)
1025	81276	DP	471	38
1026	41966	SU	15	39
1027	86284	RV	20	41
1028	690	SU	59	41
1029	41964	TX	37	42
1030	5514	TX	50	42
1031	81446	IF	5	44
1032	86572	SU	3	46
1033	86414	RI	111	46
1034	86518	TU	20	47
1035	86518	TU	64	50
1036	86362	BL	182	51
1037	81276	DP	281	51
1038	86198	DP	1	52
1039	5514	XB	65	53
1040	86706	FN	122	53
1041	86634	XB	10	53
1042	5514	TX	18	53
1043	61952	IF	129	54
1044	86706	FN	39	55
1045	5514	TX	22	55
1046	5514	XB	53	59
1047	86706	FN	12	66

Tableau 14. Différentiel, en rang centile, par bélier des indices MAT-HP et ISM.

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)	ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
1	86362	BL	7	-69	37	86414	RI	8	-26
2	4932	RI	44	-52	38	2918	RI	11	-26
3	4914	RI	246	-49	39	86362	HA	122	-25
4	86576	RV	109	-46	40	86290	SU	15	-25
5	86106	RV	26	-46	41	161950	RV	4	-25
6	86400	RI	25	-45	42	2918	RI	207	-25
7	86290	SU	247	-44	43	2918	RI	292	-25
8	2918	RI	147	-43	44	120	HA	1	-25
9	2918	RI	64	-43	45	61952	RI	137	-24
10	2918	RI	101	-39	46	5584	DP	8	-24
11	86448	RI	73	-38	47	86576	RV	58	-22
12	2918	RI	190	-38	48	86716	XB	18	-22
13	2918	RI	128	-38	49	61952	RI	90	-22
14	2918	RI	219	-38	50	7866	BC	45	-22
15	2918	RI	133	-37	51	86388	PO	109	-22
16	61952	IF	41	-36	52	86634	XB	122	-22
17	86414	RI	84	-36	53	4962	XB	11	-21
18	5514	XB	65	-34	54	640	DP	44	-21
19	2918	RI	26	-34	55	161954	RI	53	-21
20	7866	BC	10	-33	56	86284	DP	54	-20
21	61952	IF	38	-32	57	86482	RV	108	-20
22	61952	RI	240	-31	58	86642	RV	48	-20
23	2918	RI	528	-31	59	86456	DP	134	-19
24	161950	RV	45	-30	60	86362	RV	126	-18
25	86290	SU	3	-29	61	161950	RV	61	-18
26	161954	RI	146	-29	62	86400	RI	127	-18
27	161954	CO	18	-29	63	2918	RI	315	-18
28	161984	SH	1	-29	64	121958	SU	49	-18
29	2918	RI	42	-29	65	86726	DO	5	-17
30	640	DP	104	-28	66	86496	RI	48	-17
31	85968	RV	94	-28	67	161950	RV	54	-16
32	232	DP	26	-28	68	80026	DP	25	-16
33	86448	RI	32	-27	69	7866	BC	11	-16
34	161956	SU	121	-27	70	120	HA	1	-16
35	86442	CD	38	-26	71	4962	XB	24	-15
36	86414	RI	52	-26	72	5514	XB	53	-15

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
73	86290	SU	167	-15
74	161984	CD	6	-15
75	80026	DP	80	-15
76	85780	DP	27	-14
77	86146	PO	5	-14
78	61952	IF	37	-14
79	61952	IF	272	-14
80	80026	RV	87	-14
81	86400	RI	41	-14
82	7806	SU	77	-14
83	61960	DP	5	-13
84	86576	RV	30	-13
85	86146	PO	73	-13
86	161950	CO	103	-13
87	61952	IF	214	-13
88	86396	CD	12	-13
89	2918	RI	135	-13
90	272	SU	27	-13
91	86362	HA	103	-13
92	86290	SU	10	-12
93	2976	DP	47	-12
94	61952	RI	96	-12
95	86468	HA	6	-12
96	86400	RI	9	-12
97	86562	CD	70	-12
98	81276	DP	141	-12
99	4962	XB	3	-11
100	86676	SU	68	-11
101	640	DP	57	-11
102	86290	SU	3	-11
103	86290	SU	59	-11
104	161954	CD	7	-11
105	61952	IF	55	-11
106	61952	IF	59	-11
107	61952	RI	12	-11
108	86396	CD	16	-11
109	86414	RI	109	-11

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
110	7866	BC	36	-11
111	272	SU	4	-11
112	161984	DH	14	-10
113	5514	XB	162	-10
114	86362	HA	43	-10
115	161954	RI	116	-10
116	121956	SU	2	-10
117	85870	RV	134	-10
118	80026	RV	62	-10
119	86360	DP	25	-10
120	86360	DP	88	-10
121	86330	SU	7	-10
122	120	HA	1	-10
123	86584	SU	33	-10
124	81276	DP	45	-10
125	86454	IL	28	-9
126	5514	XB	105	-9
127	86576	RV	55	-9
128	86576	RV	116	-9
129	5668	RI	11	-9
130	86482	RV	76	-9
131	2976	DP	24	-9
132	61952	IF	35	-9
133	61952	RI	196	-9
134	61952	RI	217	-9
135	7868	RI	2	-9
136	272	SU	4	-9
137	81276	DP	27	-9
138	86388	PO	11	-8
139	85780	SU	4	-8
140	5514	XB	28	-8
141	4914	CO	29	-8
142	86146	PO	43	-8
143	86290	SU	30	-8
144	161950	RV	80	-8
145	161950	RV	239	-8
146	86572	CO	12	-8

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
147	79766	HA	42	-8
148	86330	SU	10	-8
149	272	SU	12	-8
150	272	SU	11	-8
151	161984	SH	8	-7
152	86388	PO	60	-7
153	86496	RI	42	-7
154	86362	RV	14	-7
155	640	DP	37	-7
156	86290	SU	8	-7
157	86290	SU	8	-7
158	86448	RI	90	-7
159	161974	CD	2	-7
160	161950	CO	313	-7
161	2976	DP	7	-7
162	86396	CD	14	-7
163	120	SU	1	-7
164	86246	SU	33	-7
165	86414	RI	109	-7
166	86330	SU	33	-7
167	5940	SU	17	-7
168	86616	XB	16	-6
169	5584	DP	17	-6
170	86388	PO	76	-6
171	86388	PO	169	-6
172	5514	XB	57	-6
173	5514	XB	63	-6
174	5514	XB	136	-6
175	86576	RV	58	-6
176	86362	HA	88	-6
177	4914	CO	48	-6
178	4914	RI	258	-6
179	86146	PO	26	-6
180	86146	PO	45	-6
181	86442	SU	182	-6
182	85862	PO	264	-6
183	86362	BL	182	-6

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
184	85870	RV	81	-6
185	80026	RV	78	-6
186	7866	BC	3	-6
187	86330	RI	23	-6
188	272	SU	44	-6
189	86454	IL	38	-5
190	86496	RI	88	-5
191	5514	XB	120	-5
192	86146	PO	6	-5
193	161974	CD	251	-5
194	86482	RV	556	-5
195	161954	RI	3	-5
196	2976	DP	3	-5
197	7868	RI	15	-5
198	161984	CD	2	-5
199	80026	DP	52	-5
200	86400	RI	21	-5
201	7806	SU	11	-5
202	272	SU	2	-5
203	86616	DO	162	-4
204	86362	HA	76	-4
205	86284	RV	20	-4
206	82016	HA	209	-4
207	161954	IF	170	-4
208	7868	RI	77	-4
209	7868	RI	23	-4
210	85830	SU	25	-4
211	80026	DP	74	-4
212	5720	DP	56	-4
213	5940	SU	33	-4
214	81276	DP	99	-4
215	81276	DP	26	-4
216	161984	SH	4	-3
217	86388	PO	64	-3
218	86388	PO	103	-3
219	85996	RI	43	-3
220	5514	XB	65	-3

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
221	86448	RI	67	-3
222	86482	RV	215	-3
223	161954	RI	23	-3
224	161954	RI	1	-3
225	161954	RI	3	-3
226	86456	DP	21	-3
227	161950	CO	14	-3
228	61952	IF	69	-3
229	86128	SU	374	-3
230	232	DP	53	-3
231	86128	SU	3	-3
232	80026	DP	8	-3
233	86400	RI	50	-3
234	86400	RI	124	-3
235	7866	BC	3	-3
236	86330	RI	61	-3
237	86330	RI	91	-3
238	7894	RI	7	-3
239	81276	DP	136	-3
240	4962	XB	3	-2
241	5514	XB	75	-2
242	5514	XB	50	-2
243	4914	RI	81	-2
244	86290	SU	8	-2
245	86204	RV	11	-2
246	86482	RV	379	-2
247	161954	RI	7	-2
248	161954	RI	5	-2
249	86642	RV	104	-2
250	232	DP	5	-2
251	2918	RI	213	-2
252	7866	BC	7	-2
253	86330	RI	107	-2
254	272	SU	20	-2
255	120	HA	4	-2
256	121958	WD	60	-2
257	272	SU	1	-2

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
258	86668	EF	80	-1
259	86388	PO	11	-1
260	86388	PO	17	-1
261	41950	DP	11	-1
262	86454	IL	87	-1
263	5514	XB	53	-1
264	5514	XB	95	-1
265	5514	XB	125	-1
266	5514	XB	91	-1
267	5514	XB	90	-1
268	4914	RI	9	-1
269	640	DP	24	-1
270	640	DP	5	-1
271	86146	PO	35	-1
272	86204	RV	78	-1
273	161954	RI	184	-1
274	161954	RI	156	-1
275	161954	RI	182	-1
276	161954	RI	151	-1
277	161954	CD	57	-1
278	86456	DP	59	-1
279	161950	RV	149	-1
280	86636	RI	3	-1
281	5668	RI	92	-1
282	80026	DP	74	-1
283	86330	RI	18	-1
284	86330	RI	10	-1
285	86330	RI	223	-1
286	86330	SU	2	-1
287	86330	SU	69	-1
288	7894	RI	1	-1
289	161956	SU	129	-1
290	86634	XB	135	-1
291	272	SU	6	-1
292	81276	DP	304	-1
293	86388	PO	69	0
294	5514	XB	191	0

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
295	5514	XB	90	0
296	5514	XB	90	0
297	5514	XB	80	0
298	5514	XB	79	0
299	85880	BC	34	0
300	4914	RI	70	0
301	4914	RI	231	0
302	4914	RI	9	0
303	86198	DP	65	0
304	640	DP	59	0
305	86290	SU	6	0
306	86290	SU	12	0
307	86290	SU	16	0
308	86204	RV	10	0
309	86204	RV	12	0
310	85862	PO	41	0
311	85862	PO	22	0
312	85862	PO	13	0
313	85862	PO	6	0
314	85862	PO	15	0
315	86482	RV	17	0
316	86482	RV	64	0
317	86482	RV	399	0
318	161954	CD	7	0
319	86456	DP	27	0
320	2976	DP	2	0
321	61952	IF	25	0
322	61952	IF	60	0
323	5584	DP	16	0
324	7868	RI	4	0
325	86246	SU	11	0
326	79766	HA	13	0
327	86414	RI	52	0
328	85830	SU	44	0
329	80026	DP	50	0
330	86400	RI	57	0
331	86330	RI	132	0

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
332	86330	SU	23	0
333	81276	DP	134	0
334	81276	DP	218	0
335	4962	XB	9	1
336	86388	PO	259	1
337	41950	DP	68	1
338	5514	XB	199	1
339	86362	HA	10	1
340	640	DP	25	1
341	640	DP	3	1
342	232	HA	3	1
343	5668	RI	7	1
344	86658	RV	4	1
345	86290	SU	35	1
346	86204	RV	139	1
347	85862	PO	54	1
348	86482	RV	18	1
349	86482	RV	41	1
350	86482	RV	186	1
351	161954	CD	4	1
352	161954	CD	6	1
353	86106	RV	26	1
354	61952	RI	70	1
355	61952	IF	61	1
356	61952	IF	95	1
357	86310	RI	21	1
358	5584	DP	22	1
359	250	SU	36	1
360	86636	RI	1	1
361	7868	RI	4	1
362	161984	CD	5	1
363	86360	DP	13	1
364	86414	RI	3	1
365	86414	RI	80	1
366	80026	DP	2	1
367	86400	RI	39	1
368	86400	RI	207	1

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
369	86400	RI	207	1
370	86400	RI	236	1
371	86400	RI	191	1
372	81446	IF	14	1
373	86330	RI	143	1
374	86330	SU	10	1
375	86330	SU	23	1
376	86634	CU	96	1
377	7806	SU	2	1
378	7806	SU	15	1
379	81276	DP	92	1
380	81276	DP	363	1
381	81276	DP	40	1
382	86454	IL	21	2
383	5514	XB	90	2
384	85880	NC	14	2
385	86198	DP	8	2
386	86198	DP	77	2
387	85862	PO	36	2
388	161954	RI	5	2
389	161954	CD	83	2
390	161950	RV	328	2
391	61952	RI	63	2
392	61952	RI	130	2
393	61952	IF	125	2
394	86396	RI	24	2
395	86128	SU	4	2
396	7868	RI	15	2
397	7868	RI	40	2
398	86246	SU	24	2
399	86414	RI	4	2
400	80026	DP	1	2
401	2918	RI	145	2
402	86330	SU	116	2
403	86584	SU	50	2
404	5940	SU	1	2
405	272	SU	8	2

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
406	81276	DP	49	2
407	81276	DP	21	2
408	81276	DP	106	2
409	81276	DP	208	2
410	81276	DP	87	2
411	79766	HA	105	2
412	86616	DO	26	3
413	86388	PO	57	3
414	86454	IL	29	3
415	86496	RI	34	3
416	5514	XB	39	3
417	85880	BC	15	3
418	4914	CO	92	3
419	86290	SU	11	3
420	86290	SU	42	3
421	85862	PO	178	3
422	85862	PO	6	3
423	61960	CD	25	3
424	161954	CD	5	3
425	161950	CO	50	3
426	61952	IF	13	3
427	86128	SU	8	3
428	86128	SU	12	3
429	85830	SU	54	3
430	80026	DP	37	3
431	7894	RI	17	3
432	86706	FN	1	3
433	5940	SU	17	3
434	86634	XB	23	3
435	86534	RV	34	3
436	81276	DP	201	3
437	81276	DP	310	3
438	61960	DP	5	3
439	86388	PO	268	4
440	85780	SU	60	4
441	86454	IL	17	4
442	86190	DP	211	4

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
443	86362	RV	76	4
444	86198	DP	48	4
445	86284	RV	86	4
446	86456	RV	65	4
447	5668	RI	16	4
448	86482	RV	37	4
449	86482	RV	112	4
450	86482	RV	62	4
451	82016	SU	18	4
452	161950	CO	13	4
453	86128	SU	11	4
454	7868	RI	99	4
455	86414	RI	75	4
456	86400	RI	79	4
457	86330	RI	36	4
458	86706	FN	39	4
459	86534	RV	304	4
460	86388	PO	34	5
461	86454	IL	12	5
462	4914	CO	6	5
463	86344	SU	71	5
464	86598	DO	62	5
465	86146	PO	156	5
466	86716	DO	4	5
467	82016	HA	210	5
468	86204	RV	64	5
469	86204	RV	60	5
470	86482	RV	154	5
471	82016	SU	52	5
472	250	SU	6	5
473	250	SU	49	5
474	86474	DP	404	5
475	86246	SU	38	5
476	86246	RV	15	5
477	79766	HA	1	5
478	86414	RI	41	5
479	86414	RI	48	5

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
480	85830	RI	101	5
481	80026	DP	4	5
482	80026	DP	511	5
483	86400	RI	58	5
484	86400	RI	141	5
485	86562	CD	21	5
486	86330	RI	4	5
487	86330	RI	4	5
488	161984	DH	13	5
489	86534	RV	113	5
490	81276	DP	141	5
491	81276	DP	426	5
492	81276	DP	53	5
493	81276	DP	59	5
494	86672	BM	136	6
495	86388	PO	21	6
496	86388	PO	11	6
497	5514	XB	236	6
498	86576	RV	54	6
499	4914	CO	115	6
500	86198	DP	40	6
501	86290	SU	61	6
502	86482	RV	228	6
503	86558	HA	25	6
504	2976	DP	21	6
505	86640	HA	5	6
506	61952	RI	146	6
507	79766	HA	9	6
508	86414	RI	26	6
509	86414	RI	82	6
510	86330	RI	69	6
511	86696	CU	15	6
512	86572	CO	110	6
513	81276	DP	402	6
514	81276	DP	162	6
515	4962	XB	9	7
516	7956	XB	39	7

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
517	86496	RI	48	7
518	5514	XB	50	7
519	5514	XB	54	7
520	86576	RV	98	7
521	86362	HA	32	7
522	121958	KA	17	7
523	86344	SU	24	7
524	86558	HA	14	7
525	121956	SU	10	7
526	86456	DP	242	7
527	2976	DP	49	7
528	2976	DP	1	7
529	232	SU	2	7
530	80026	DP	78	7
531	86330	RI	231	7
532	86330	RI	78	7
533	86330	RI	115	7
534	86330	RI	97	7
535	7806	SU	2	7
536	81276	DP	236	7
537	41966	SU	3	7
538	86388	PO	52	8
539	86454	IL	19	8
540	86454	IL	21	8
541	86496	RI	25	8
542	5514	XB	88	8
543	85880	NC	26	8
544	4914	CO	4	8
545	86598	DO	10	8
546	5668	RI	76	8
547	86146	PO	57	8
548	86290	SU	20	8
549	82016	HA	131	8
550	86482	RV	21	8
551	2976	DP	126	8
552	86246	RV	214	8
553	86414	RI	30	8

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
554	86414	RI	21	8
555	86414	RI	34	8
556	86414	RI	65	8
557	61960	HA	7	8
558	86634	XB	32	8
559	86534	RV	236	8
560	81276	DP	138	8
561	86388	PO	185	9
562	86362	HA	71	9
563	86198	DP	5	9
564	86198	DP	38	9
565	86204	RV	23	9
566	86482	RV	6	9
567	82016	SU	60	9
568	161954	CD	37	9
569	2976	DP	16	9
570	86396	RI	8	9
571	61954	SU	33	9
572	85830	SU	3	9
573	86562	CD	27	9
574	86634	XB	155	9
575	81276	DP	202	9
576	86496	RI	110	10
577	86362	HA	43	10
578	86198	DP	13	10
579	86456	RV	8	10
580	86598	DO	16	10
581	161950	CO	35	10
582	61952	RI	137	10
583	86642	RV	65	10
584	61954	SU	34	10
585	86400	RI	18	10
586	86550	RV	68	10
587	86534	RV	147	10
588	7806	SU	12	10
589	41950	DP	27	11
590	86388	PO	109	11

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
591	86388	PO	109	11
592	85780	SU	49	11
593	86454	IL	25	11
594	5514	XB	47	11
595	4914	CO	8	11
596	4914	CO	15	11
597	86598	DO	1	11
598	86290	SU	31	11
599	82016	HA	8	11
600	82016	HA	29	11
601	86204	RV	55	11
602	86128	SU	20	11
603	86558	HA	75	11
604	161954	RI	24	11
605	2976	DP	25	11
606	2976	DP	92	11
607	61952	RI	183	11
608	61952	RI	170	11
609	120	SU	26	11
610	250	SU	27	11
611	250	SU	21	11
612	86662	XB	59	11
613	80026	DP	191	11
614	86330	RI	13	11
615	86634	CU	79	11
616	7806	SU	18	11
617	120	SU	37	11
618	86388	PO	8	12
619	86198	DP	37	12
620	5668	RI	52	12
621	85862	PO	178	12
622	82016	SU	26	12
623	161954	RI	80	12
624	79766	HA	2	12
625	80026	DP	31	12
626	86562	CD	47	12
627	86330	RI	106	12

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
628	86634	CU	54	12
629	86534	RV	38	12
630	86660	NC	5	12
631	41966	SU	40	12
632	86388	PO	9	13
633	86344	SU	20	13
634	86290	SU	70	13
635	86482	RV	59	13
636	86482	RV	196	13
637	82016	SU	74	13
638	250	SU	14	13
639	161984	CD	3	13
640	86414	RI	73	13
641	85880	NC	98	13
642	80026	DP	139	13
643	80026	DP	2	13
644	86330	RI	78	13
645	86706	FN	9	13
646	5720	DP	64	13
647	86388	PO	56	14
648	86362	RV	5	14
649	86362	HA	29	14
650	4914	CO	4	14
651	86198	DP	27	14
652	86198	DP	1	14
653	82016	HA	70	14
654	161974	RI	3	14
655	86558	HA	80	14
656	86640	HA	13	14
657	61952	RI	114	14
658	250	SU	37	14
659	86470	RI	157	14
660	86330	RI	196	14
661	86388	PO	76	14
662	86634	XB	8	14
663	86634	CU	28	14
664	86518	NC	17	15

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
665	85880	NC	24	15
666	85880	NC	20	15
667	86344	SU	137	15
668	86198	DP	77	15
669	86598	DO	16	15
670	86146	PO	149	15
671	86456	DP	110	15
672	86396	CD	47	15
673	61954	SU	7	15
674	7868	RI	47	15
675	7806	SU	21	15
676	86388	PO	54	16
677	86388	PO	312	16
678	86518	NC	42	16
679	86598	DO	12	16
680	86598	DO	34	16
681	5668	RI	4	16
682	82016	HA	68	16
683	2976	DP	17	16
684	86396	CD	42	16
685	86642	RV	227	16
686	86246	SU	1	16
687	86470	RI	162	16
688	86414	RI	124	16
689	86414	RI	23	16
690	80026	DP	78	16
691	81446	IF	29	16
692	86330	RI	144	16
693	5940	DP	9	16
694	86388	PO	145	17
695	86146	PO	2	17
696	86290	SU	83	17
697	85968	RV	88	17
698	86396	CD	7	17
699	86128	SU	2	17
700	86246	SU	16	17
701	86414	RI	39	17

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
702	86414	RI	22	17
703	86634	XB	9	17
704	86634	CU	10	17
705	7806	IF	24	17
706	86388	PO	9	18
707	86654	SU	25	18
708	86362	RV	193	18
709	4914	CO	1	18
710	4914	CO	5	18
711	86598	DO	1	18
712	86132	RV	38	18
713	82016	HA	60	18
714	82016	HA	85	18
715	161954	IF	29	18
716	121956	SU	11	18
717	86642	RV	183	18
718	86246	SU	23	18
719	86414	RI	45	18
720	86414	RI	109	18
721	86414	RI	82	18
722	86414	RI	58	18
723	7944	DP	134	18
724	86330	RI	64	18
725	86598	DO	206	18
726	85780	SU	55	19
727	86362	RV	226	19
728	86198	DP	35	19
729	82016	HA	41	19
730	86204	RV	40	19
731	86482	RV	223	19
732	86558	HA	110	19
733	161954	IF	5	19
734	2976	DP	10	19
735	7868	RI	69	19
736	161984	CD	6	19
737	121956	SU	85	19
738	86330	RI	182	19

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
739	86388	PO	36	19
740	232	SU	54	20
741	86674	EF	126	20
742	4914	CO	6	20
743	86658	RV	30	20
744	86640	PO	27	20
745	86396	CD	55	20
746	7868	RI	54	20
747	86474	SU	16	20
748	5668	RI	63	20
749	79766	HA	43	20
750	86414	RI	130	20
751	86330	RI	75	20
752	5514	XB	86	21
753	86344	SU	18	21
754	86330	RI	160	21
755	86290	SU	5	21
756	161950	CO	106	21
757	61952	RI	49	21
758	86396	CD	53	21
759	7880	NC	24	21
760	7880	TU	11	21
761	86414	RI	60	21
762	86634	CU	102	21
763	86660	NC	13	21
764	86576	RV	11	22
765	4914	CO	28	22
766	86344	SU	94	22
767	86540	FN	18	22
768	2976	DP	57	22
769	232	SU	147	22
770	61952	IF	129	22
771	86396	CD	2	22
772	85830	SU	4	22
773	86330	RI	3	22
774	86362	HA	156	22
775	86706	FN	17	22

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
776	86706	FN	76	22
777	121958	KA	30	23
778	86598	DO	4	23
779	161954	CO	6	23
780	61952	RI	54	23
781	86414	RI	50	23
782	86388	PO	28	23
783	86660	NC	9	23
784	41966	SU	38	23
785	86388	PO	16	24
786	86454	IL	23	24
787	85880	NC	18	24
788	86456	RV	92	24
789	86598	DO	6	24
790	86290	SU	85	24
791	82016	HA	26	24
792	2976	DP	10	24
793	2976	DP	62	24
794	86414	RI	33	24
795	86414	RI	18	24
796	86414	RI	24	24
797	86330	RI	41	24
798	86388	PO	71	24
799	86388	PO	108	24
800	79766	HA	33	24
801	4914	CO	6	25
802	86204	RV	5	25
803	161974	RI	33	25
804	86640	HA	28	25
805	86640	HA	3	25
806	61952	IF	232	25
807	690	SU	59	25
808	79766	HA	45	25
809	79766	HA	41	25
810	80026	RV	72	25
811	86706	FN	23	25
812	86576	RV	36	26

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
813	86344	SU	81	26
814	86598	DO	23	26
815	86598	DO	9	26
816	5668	RI	49	26
817	86456	DP	30	26
818	121956	SU	1	26
819	2976	DP	11	26
820	86246	DP	113	26
821	86246	DP	36	26
822	85830	SU	15	26
823	85830	SU	53	26
824	86330	RI	102	26
825	5514	TX	24	26
826	81276	DP	431	26
827	7762	IF	9	27
828	121958	KA	18	27
829	4932	RI	136	27
830	86146	SU	48	27
831	85968	RV	243	27
832	86456	DP	86	27
833	86640	HA	2	27
834	86246	SU	75	27
835	7806	SU	43	27
836	85780	SU	4	28
837	86362	HA	28	28
838	86598	DO	6	28
839	86598	DO	9	28
840	2976	DP	42	28
841	79766	HA	5	28
842	86414	RI	57	28
843	7806	SO	12	28
844	86330	RI	133	28
845	86598	DO	14	29
846	86598	DO	9	29
847	85968	RV	102	29
848	86388	PO	15	30
849	85968	RV	63	30

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
850	86388	PO	72	30
851	86090	SU	13	30
852	81276	DP	280	30
853	86518	TU	40	31
854	85780	SU	53	31
855	86640	HA	38	31
856	79766	HA	9	31
857	86634	CU	89	31
858	85880	NC	7	32
859	86558	HA	13	32
860	86496	RI	119	33
861	86598	DO	37	33
862	86290	SU	37	33
863	86716	CO	2	33
864	85968	RV	54	33
865	80026	DP	52	33
866	86330	RI	116	33
867	86330	SU	24	33
868	86330	RI	28	33
869	86442	CD	46	34
870	161954	RI	121	34
871	86246	SU	32	34
872	80026	DP	23	34
873	7806	SO	86	34
874	86674	EF	93	35
875	86672	BM	141	35
876	86442	CD	5	35
877	86558	HA	48	35
878	250	SU	32	35
879	81446	IF	5	35
880	86344	SU	46	36
881	86598	DO	3	36
882	86456	DP	173	36
883	41964	TX	72	36
884	81446	DP	30	36
885	41966	SU	2	36
886	86668	EF	8	37

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
887	85880	NC	18	37
888	82016	HA	29	37
889	86680	CD	28	37
890	86414	RI	209	37
891	85830	SU	35	37
892	85830	SU	1	37
893	80026	DP	200	38
894	5514	TX	23	38
895	86388	PO	133	39
896	4914	CO	10	39
897	86598	DO	12	39
898	86290	SU	35	39
899	61952	RI	25	39
900	7848	RI	80	40
901	86198	DP	29	40
902	86290	SU	17	40
903	161954	IF	57	40
904	41964	TX	5	40
905	85830	SU	2	40
906	86704	RO	3	40
907	121956	SU	19	40
908	86198	DP	7	41
909	80026	RV	190	41
910	5720	DP	2	41
911	86634	XB	63	41
912	86362	HA	30	42
913	7762	IF	18	42
914	86598	DO	23	42
915	86290	SU	32	42
916	161974	RI	23	43
917	2976	DP	1	43
918	232	RI	103	43
919	86330	RI	184	43
920	86576	RV	98	44
921	7762	IF	10	44
922	4914	CO	24	44
923	86344	SU	45	44

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
924	82016	HA	56	44
925	81446	DP	1	44
926	86246	DP	185	45
927	232	HA	58	45
928	690	SU	10	46
929	690	SU	26	46
930	79766	HA	27	46
931	86672	EF	229	47
932	2976	DP	33	47
933	41964	TX	3	47
934	86504	RV	44	48
935	86518	TU	19	49
936	86414	RI	97	49
937	86090	SU	30	49
938	86598	DO	53	50
939	86680	CD	11	50
940	86572	SU	3	50
941	86706	FN	12	50
942	86518	TU	64	50
943	86584	DP	34	50
944	85780	SU	62	51
945	232	HA	23	51
946	690	SU	85	51
947	86562	CD	25	51
948	86634	CU	9	51
949	161954	IF	22	52
950	232	RI	19	52
951	86414	RI	31	52
952	41956	SU	3	53
953	86456	RV	58	53
954	86456	DP	213	53
955	61952	IF	124	53
956	79766	HA	20	53
957	86090	SU	3	53
958	80026	DP	263	54
959	5514	TX	22	54
960	41966	SU	15	54

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
961	161954	IF	7	55
962	86572	SU	12	55
963	86344	SU	44	56
964	86090	SU	7	56
965	86290	SU	24	57
966	121956	SU	42	57
967	4914	CO	19	58
968	161954	IF	27	58
969	86598	DO	23	60
970	86558	HA	39	60
971	86414	RI	84	60
972	86388	PO	41	60
973	5514	TX	50	60
974	41950	XB	26	61
975	85880	NC	40	61
976	41956	SU	16	61
977	85968	RV	258	61
978	86634	XB	21	61
979	86634	CU	18	61
980	161954	IF	75	62
981	41950	DP	91	63
982	161954	IF	15	63
983	86414	RI	248	63
984	86634	CU	8	63
985	5668	RI	206	64
986	5514	TX	18	64
987	86330	RI	19	65
988	161950	CO	54	66
989	86634	XB	10	66
990	86634	CU	87	67
991	86090	SU	2	68
992	86246	DP	16	69
993	86664	EF	250	69
994	41964	TX	18	70
995	86204	RV	90	73
996	86674	EF	154	77
997	5514	TX	20	77

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-HP-ISM)
998	41964	TX	21	78
999	86674	EF	132	84
1000	5514	TX	25	85
1001	5514	TX	22	87
1002	5514	TX	21	87
1003	41964	TX	15	91
1004	5514	TX	37	91
1005	86674	EF	100	93
1006	5514	TX	21	93
1007	41964	TX	37	94

Tableau 15. Différentiel, en rang centile, par bélier des indices MAT-UHP et ISM+.

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)	ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
1	86362	BL	7	-71	37	86400	RI	25	-26
2	86290	SU	247	-50	38	2918	RI	190	-26
3	161954	CO	18	-48	39	2918	RI	26	-26
4	86454	IL	28	-43	40	86576	RV	58	-25
5	2918	RI	528	-42	41	86290	SU	10	-25
6	86442	CD	38	-41	42	61952	RI	90	-25
7	86576	RV	109	-39	43	86400	RI	127	-25
8	2918	RI	101	-39	44	5584	DP	8	-25
9	7866	BC	10	-38	45	86362	HA	122	-24
10	640	DP	104	-37	46	7866	BC	11	-24
11	161950	CO	313	-36	47	86634	XB	122	-24
12	86106	RV	26	-36	48	232	DP	26	-24
13	2918	RI	133	-36	49	4962	XB	11	-23
14	2918	RI	147	-36	50	86284	DP	54	-23
15	86290	SU	3	-34	51	61952	IF	41	-23
16	86388	PO	109	-34	52	161956	SU	121	-23
17	120	HA	1	-33	53	120	HA	1	-23
18	61952	RI	137	-32	54	4914	RI	246	-22
19	2918	RI	128	-32	55	161950	RV	45	-22
20	2918	RI	64	-32	56	2918	RI	42	-22
21	61952	RI	240	-31	57	2918	RI	11	-22
22	86246	SU	33	-31	58	640	DP	44	-21
23	85780	SU	4	-30	59	85968	RV	94	-21
24	86716	XB	18	-30	60	272	SU	27	-21
25	61952	IF	38	-30	61	86290	SU	3	-20
26	2918	RI	207	-30	62	7866	BC	36	-20
27	2918	RI	219	-29	63	161950	RV	4	-19
28	86456	DP	134	-28	64	80026	DP	25	-19
29	4932	RI	44	-27	65	81276	DP	45	-19
30	86290	SU	15	-27	66	86362	HA	88	-18
31	161984	SH	1	-27	67	86414	RI	8	-18
32	2918	RI	292	-27	68	2918	RI	135	-18
33	640	DP	57	-26	69	7866	BC	45	-18
34	161954	CO	6	-26	70	121958	SU	49	-18
35	161950	CO	103	-26	71	86454	IL	38	-17
36	161950	CO	14	-26	72	86362	HA	43	-17

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
73	86290	SU	59	-17
74	86448	RI	32	-17
75	61952	RI	96	-17
76	7866	BC	3	-17
77	4962	XB	24	-16
78	85780	SU	49	-16
79	161954	RI	146	-16
80	161950	RV	61	-16
81	161984	CD	5	-16
82	85780	DP	27	-15
83	86576	RV	55	-15
84	86442	SU	182	-15
85	161950	RV	54	-15
86	86562	CD	70	-15
87	7806	SU	77	-15
88	272	SU	4	-15
89	86290	SU	8	-14
90	86290	SU	167	-14
91	86448	RI	73	-14
92	86482	RV	108	-14
93	86642	RV	48	-14
94	2918	RI	315	-14
95	4914	CO	29	-13
96	640	DP	37	-13
97	161954	RI	53	-13
98	161984	CD	6	-13
99	86360	DP	88	-13
100	80026	DP	52	-13
101	7866	BC	3	-13
102	86330	SU	10	-13
103	272	SU	4	-13
104	86726	DO	5	-12
105	61960	DP	5	-12
106	640	DP	5	-12
107	86290	SU	8	-12
108	61952	RI	12	-12
109	86362	RV	126	-11

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
110	2976	DP	47	-11
111	86128	SU	3	-11
112	80026	DP	80	-11
113	86400	RI	9	-11
114	120	HA	1	-11
115	161984	SH	8	-10
116	86388	PO	76	-10
117	5514	XB	65	-10
118	86576	RV	58	-10
119	86284	RV	20	-10
120	86290	SU	30	-10
121	86456	DP	21	-10
122	161950	RV	80	-10
123	86468	HA	6	-10
124	86360	DP	25	-10
125	81276	DP	27	-10
126	86616	XB	16	-9
127	4962	XB	3	-9
128	86676	SU	68	-9
129	161984	DH	14	-9
130	86362	HA	76	-9
131	161954	CD	7	-9
132	2976	DP	24	-9
133	86396	CD	12	-9
134	120	SU	1	-9
135	86662	XB	59	-9
136	85830	SU	25	-9
137	86330	SU	33	-9
138	272	SU	12	-9
139	272	SU	44	-9
140	86388	PO	60	-8
141	86388	PO	103	-8
142	85780	SU	60	-8
143	86146	PO	43	-8
144	86146	PO	5	-8
145	82016	HA	210	-8
146	61952	IF	37	-8

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
147	61952	RI	137	-8
148	85870	RV	134	-8
149	86414	RI	84	-8
150	80026	DP	74	-8
151	86400	RI	41	-8
152	5940	SU	17	-8
153	7806	SU	11	-8
154	272	SU	2	-8
155	61960	DP	5	-8
156	4962	XB	3	-7
157	161984	SH	4	-7
158	86284	RV	86	-7
159	82016	HA	209	-7
160	161950	RV	239	-7
161	121956	SU	2	-7
162	61952	RI	196	-7
163	85870	RV	81	-7
164	7868	RI	2	-7
165	79766	HA	42	-7
166	80026	DP	8	-7
167	272	SU	11	-7
168	86362	HA	103	-7
169	86388	PO	11	-6
170	86388	PO	11	-6
171	85996	RI	43	-6
172	86454	IL	29	-6
173	86576	RV	30	-6
174	4914	RI	81	-6
175	5668	RI	11	-6
176	86146	PO	73	-6
177	86290	SU	12	-6
178	161954	RI	3	-6
179	161950	RV	149	-6
180	161950	CO	106	-6
181	2976	DP	3	-6
182	86396	CD	16	-6
183	161984	CD	3	-6

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
184	5720	DP	56	-6
185	272	SU	6	-6
186	81276	DP	99	-6
187	5584	DP	17	-5
188	86616	DO	162	-5
189	640	DP	24	-5
190	86290	SU	8	-5
191	2976	DP	7	-5
192	86642	RV	104	-5
193	161984	CD	2	-5
194	7866	BC	7	-5
195	5940	SU	33	-5
196	120	HA	4	-5
197	81276	DP	141	-5
198	41950	DP	27	-4
199	85880	BC	34	-4
200	86146	PO	26	-4
201	86290	SU	6	-4
202	161974	CD	2	-4
203	161954	RI	116	-4
204	161950	CO	13	-4
205	86362	BL	182	-4
206	86572	CO	12	-4
207	86414	RI	52	-4
208	272	SU	20	-4
209	86584	SU	33	-4
210	86634	XB	135	-4
211	272	SU	1	-4
212	86388	PO	169	-3
213	86454	IL	21	-3
214	86496	RI	48	-3
215	4914	CO	48	-3
216	86290	SU	42	-3
217	86482	RV	556	-3
218	161954	RI	5	-3
219	86456	DP	59	-3
220	2976	DP	25	-3

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
221	2976	DP	126	-3
222	2976	DP	2	-3
223	61952	IF	35	-3
224	61952	RI	217	-3
225	61952	IF	214	-3
226	86128	SU	374	-3
227	80026	DP	2	-3
228	2918	RI	213	-3
229	86330	RI	23	-3
230	86330	RI	91	-3
231	86330	SU	10	-3
232	86706	FN	9	-3
233	86706	FN	1	-3
234	86634	CU	96	-3
235	640	DP	59	-2
236	86146	PO	6	-2
237	161974	CD	251	-2
238	161954	RI	184	-2
239	161954	RI	23	-2
240	161950	RV	328	-2
241	86106	RV	26	-2
242	61952	RI	63	-2
243	61952	RI	146	-2
244	232	DP	5	-2
245	7868	RI	15	-2
246	86246	SU	24	-2
247	79766	HA	13	-2
248	80026	RV	78	-2
249	80026	RV	87	-2
250	86360	DP	13	-2
251	85830	SU	44	-2
252	86388	PO	28	-2
253	161956	SU	129	-2
254	86634	XB	23	-2
255	81276	DP	134	-2
256	81276	DP	26	-2
257	4962	XB	9	-1

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
258	86388	PO	64	-1
259	41950	DP	11	-1
260	86454	IL	19	-1
261	86454	IL	12	-1
262	86496	RI	42	-1
263	86496	RI	88	-1
264	5514	XB	57	-1
265	5514	XB	136	-1
266	5514	XB	65	-1
267	85880	BC	15	-1
268	4914	RI	258	-1
269	82016	HA	70	-1
270	86204	RV	64	-1
271	86204	RV	12	-1
272	85862	PO	264	-1
273	86482	RV	215	-1
274	86482	RV	399	-1
275	86482	RV	76	-1
276	161954	RI	1	-1
277	161950	CO	35	-1
278	5584	DP	22	-1
279	86246	SU	23	-1
280	85830	SU	54	-1
281	80026	DP	74	-1
282	80026	DP	37	-1
283	80026	DP	31	-1
284	86400	RI	57	-1
285	86400	RI	124	-1
286	2918	RI	145	-1
287	86330	SU	2	-1
288	86330	SU	7	-1
289	7894	RI	7	-1
290	7894	RI	1	-1
291	86696	CU	15	-1
292	272	SU	8	-1
293	81276	DP	304	-1
294	81276	DP	363	-1

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
295	81276	DP	218	-1
296	81276	DP	87	-1
297	86668	EF	80	0
298	86388	PO	17	0
299	86388	PO	109	0
300	41950	DP	68	0
301	5514	XB	120	0
302	5514	XB	63	0
303	5514	XB	75	0
304	5514	XB	50	0
305	5514	XB	95	0
306	5514	XB	90	0
307	5514	XB	91	0
308	5514	XB	90	0
309	5514	XB	79	0
310	4914	RI	70	0
311	4914	RI	9	0
312	4914	RI	9	0
313	640	DP	25	0
314	640	DP	3	0
315	86146	PO	45	0
316	86448	RI	67	0
317	86204	RV	78	0
318	86204	RV	10	0
319	85862	PO	41	0
320	85862	PO	22	0
321	85862	PO	13	0
322	85862	PO	6	0
323	85862	PO	15	0
324	86482	RV	64	0
325	86482	RV	379	0
326	161954	RI	151	0
327	161954	IF	170	0
328	161954	CD	57	0
329	161954	CD	6	0
330	161954	RI	3	0
331	61952	IF	55	0

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
332	61952	RI	70	0
333	5584	DP	16	0
334	86128	SU	4	0
335	7868	RI	4	0
336	7868	RI	77	0
337	86246	SU	11	0
338	86414	RI	3	0
339	86414	RI	52	0
340	80026	DP	1	0
341	80026	DP	50	0
342	86400	RI	50	0
343	86400	RI	21	0
344	86330	RI	132	0
345	86330	RI	223	0
346	86330	SU	69	0
347	86706	FN	39	0
348	5940	SU	1	0
349	7806	SU	2	0
350	7806	SU	15	0
351	81276	DP	92	0
352	81276	DP	40	0
353	86388	PO	69	1
354	86388	PO	57	1
355	5514	XB	53	1
356	5514	XB	191	1
357	5514	XB	28	1
358	5514	XB	125	1
359	5514	XB	90	1
360	5514	XB	80	1
361	86362	RV	5	1
362	86362	RV	14	1
363	4914	RI	231	1
364	86344	SU	20	1
365	86344	SU	71	1
366	86198	DP	65	1
367	86146	PO	35	1
368	86290	SU	35	1

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
369	86204	RV	139	1
370	85862	PO	36	1
371	85862	PO	54	1
372	86482	RV	18	1
373	86482	RV	17	1
374	82016	SU	26	1
375	161954	RI	156	1
376	161954	RI	182	1
377	161954	CD	4	1
378	161954	CD	7	1
379	61952	IF	59	1
380	86396	CD	14	1
381	86310	RI	21	1
382	86128	SU	8	1
383	7868	RI	4	1
384	161984	CD	6	1
385	5668	RI	92	1
386	79766	HA	1	1
387	86414	RI	75	1
388	86414	RI	80	1
389	80026	DP	511	1
390	86330	SU	23	1
391	86330	SU	23	1
392	161984	DH	13	1
393	86584	SU	50	1
394	81276	DP	49	1
395	81276	DP	21	1
396	81276	DP	106	1
397	79766	HA	105	1
398	86454	IL	23	2
399	5514	XB	105	2
400	86362	RV	76	2
401	86198	DP	8	2
402	5668	RI	7	2
403	86658	RV	4	2
404	86290	SU	31	2
405	86290	SU	11	2

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
406	86290	SU	16	2
407	86204	RV	11	2
408	161974	RI	3	2
409	85862	PO	6	2
410	86482	RV	41	2
411	61960	CD	25	2
412	86558	HA	25	2
413	161954	RI	7	2
414	161954	RI	5	2
415	161954	CD	83	2
416	161950	CO	50	2
417	61952	RI	183	2
418	86396	RI	24	2
419	86128	SU	11	2
420	86128	SU	12	2
421	86636	RI	3	2
422	7868	RI	23	2
423	80026	RV	62	2
424	86414	RI	109	2
425	86414	RI	82	2
426	80026	DP	4	2
427	86400	RI	39	2
428	86400	RI	207	2
429	86400	RI	236	2
430	86400	RI	191	2
431	86330	RI	107	2
432	86330	RI	143	2
433	86330	SU	116	2
434	7894	RI	17	2
435	5940	SU	17	2
436	86634	XB	32	2
437	81276	DP	138	2
438	81276	DP	208	2
439	81276	DP	201	2
440	81276	DP	162	2
441	86616	DO	26	3
442	86388	PO	34	3

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
443	86454	IL	17	3
444	5514	XB	90	3
445	86576	RV	116	3
446	4914	CO	8	3
447	4914	CO	6	3
448	4914	CO	92	3
449	86344	SU	24	3
450	232	HA	3	3
451	5668	RI	16	3
452	86128	SU	20	3
453	86482	RV	37	3
454	61952	RI	114	3
455	61952	IF	69	3
456	250	SU	36	3
457	86636	RI	1	3
458	7868	RI	40	3
459	86246	RV	15	3
460	86414	RI	109	3
461	86414	RI	4	3
462	86400	RI	207	3
463	86330	RI	10	3
464	86330	RI	4	3
465	86388	PO	36	3
466	81276	DP	136	3
467	86672	BM	136	4
468	86518	NC	42	4
469	5514	XB	162	4
470	5514	XB	39	4
471	86198	DP	77	4
472	86598	DO	62	4
473	86290	SU	61	4
474	86716	DO	4	4
475	86448	RI	90	4
476	82016	SU	52	4
477	161954	CD	5	4
478	2976	DP	21	4
479	61952	IF	272	4

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
480	7868	RI	15	4
481	86474	DP	404	4
482	79766	HA	9	4
483	79766	HA	2	4
484	86414	RI	30	4
485	86414	RI	41	4
486	80026	DP	139	4
487	86400	RI	79	4
488	81446	IF	14	4
489	86330	RI	18	4
490	86330	RI	36	4
491	86534	RV	304	4
492	86534	RV	113	4
493	86388	PO	268	5
494	86454	IL	87	5
495	86496	RI	34	5
496	5514	XB	53	5
497	5514	XB	199	5
498	85880	NC	14	5
499	86190	DP	211	5
500	86362	HA	10	5
501	86456	RV	65	5
502	5668	RI	76	5
503	5668	RI	4	5
504	86558	HA	14	5
505	86482	RV	112	5
506	86482	RV	186	5
507	86482	RV	62	5
508	82016	SU	18	5
509	161954	CD	37	5
510	2976	DP	49	5
511	86640	HA	5	5
512	61952	RI	170	5
513	61952	RI	130	5
514	86128	SU	2	5
515	250	SU	6	5
516	86642	RV	65	5

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
517	61954	SU	34	5
518	86246	RV	214	5
519	80026	DP	2	5
520	80026	DP	191	5
521	86562	CD	21	5
522	86330	RI	78	5
523	86330	RI	115	5
524	86706	FN	23	5
525	86634	CU	54	5
526	86534	RV	34	5
527	81276	DP	202	5
528	41966	SU	3	5
529	86388	PO	21	6
530	86496	RI	48	6
531	4914	CO	15	6
532	86344	SU	18	6
533	86198	DP	48	6
534	5668	RI	52	6
535	86146	PO	156	6
536	86290	SU	70	6
537	86204	RV	60	6
538	85862	PO	178	6
539	86482	RV	21	6
540	86482	RV	154	6
541	121956	SU	10	6
542	86456	DP	27	6
543	61954	SU	33	6
544	86414	RI	26	6
545	85830	SU	3	6
546	86400	RI	141	6
547	86634	XB	155	6
548	7806	SU	2	6
549	81276	DP	141	6
550	86668	EF	8	7
551	4962	XB	9	7
552	7956	XB	39	7
553	86388	PO	259	7

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
554	86388	PO	11	7
555	86388	PO	185	7
556	86454	IL	21	7
557	86496	RI	25	7
558	86576	RV	98	7
559	86362	HA	71	7
560	86198	DP	38	7
561	2976	DP	1	7
562	61952	IF	25	7
563	250	SU	49	7
564	7868	RI	99	7
565	86246	SU	38	7
566	79766	HA	43	7
567	86414	RI	34	7
568	85830	RI	101	7
569	61960	HA	7	7
570	80026	DP	78	7
571	81276	DP	402	7
572	5514	XB	54	8
573	86362	HA	32	8
574	4914	CO	115	8
575	121958	KA	17	8
576	86146	PO	57	8
577	86558	HA	75	8
578	161954	IF	29	8
579	61952	IF	60	8
580	61952	IF	125	8
581	61952	IF	95	8
582	86246	SU	75	8
583	86246	SU	1	8
584	86414	RI	48	8
585	86400	RI	58	8
586	86562	CD	27	8
587	86330	RI	196	8
588	86330	RI	97	8
589	86330	RI	69	8
590	86550	RV	68	8

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
591	5940	DP	9	8
592	86634	XB	9	8
593	86634	CU	28	8
594	120	SU	37	8
595	81276	DP	53	8
596	81276	DP	310	8
597	81276	DP	59	8
598	5514	XB	50	9
599	5514	XB	88	9
600	4914	CO	4	9
601	161974	RI	33	9
602	86482	RV	6	9
603	86482	RV	196	9
604	85968	RV	88	9
605	161954	RI	80	9
606	2976	DP	92	9
607	2976	DP	17	9
608	86396	RI	8	9
609	120	SU	26	9
610	86246	SU	16	9
611	86414	RI	23	9
612	85830	SU	53	9
613	86330	RI	61	9
614	86388	PO	76	9
615	86706	FN	17	9
616	86572	CO	110	9
617	86634	CU	79	9
618	7806	IF	24	9
619	81276	DP	426	9
620	81276	DP	236	9
621	79766	HA	33	9
622	86388	PO	52	10
623	86496	RI	110	10
624	85880	NC	26	10
625	86362	RV	226	10
626	86362	RV	193	10
627	86198	DP	40	10

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
628	86456	RV	8	10
629	86330	RI	160	10
630	82016	HA	60	10
631	161954	RI	24	10
632	86414	RI	73	10
633	81446	IF	29	10
634	86562	CD	47	10
635	86330	RI	4	10
636	86330	RI	106	10
637	86634	CU	10	10
638	121958	WD	60	10
639	4914	CO	1	11
640	4914	CO	28	11
641	86198	DP	13	11
642	86598	DO	1	11
643	86598	DO	12	11
644	86598	DO	34	11
645	86290	SU	5	11
646	86290	SU	20	11
647	86132	RV	38	11
648	86204	RV	55	11
649	86204	RV	23	11
650	86456	DP	110	11
651	2976	DP	16	11
652	61952	IF	61	11
653	86396	CD	42	11
654	86634	XB	8	11
655	86534	RV	236	11
656	7806	SU	18	11
657	85780	SU	4	12
658	86598	DO	3	12
659	86598	DO	16	12
660	86558	HA	80	12
661	61954	SU	7	12
662	79766	HA	5	12
663	86470	RI	157	12
664	86414	RI	21	12

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
665	86330	RI	13	12
666	86534	RV	38	12
667	7806	SU	12	12
668	86660	NC	5	12
669	41966	SU	40	12
670	86388	PO	54	13
671	86388	PO	9	13
672	86388	PO	312	13
673	86518	NC	17	13
674	85780	SU	53	13
675	4914	CO	4	13
676	86344	SU	137	13
677	86598	DO	1	13
678	86442	CD	5	13
679	82016	HA	8	13
680	85862	PO	178	13
681	82016	SU	60	13
682	86456	DP	242	13
683	61952	IF	13	13
684	61952	RI	49	13
685	86642	RV	227	13
686	86470	RI	162	13
687	86414	RI	58	13
688	86414	RI	65	13
689	85880	NC	98	13
690	80026	DP	78	13
691	86330	RI	78	13
692	86634	CU	102	13
693	86388	PO	145	14
694	86388	PO	56	14
695	86454	IL	25	14
696	4914	CO	6	14
697	4914	CO	5	14
698	86198	DP	35	14
699	86198	DP	37	14
700	86658	RV	30	14
701	82016	HA	68	14

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
702	86482	RV	59	14
703	86482	RV	228	14
704	2976	DP	10	14
705	250	SU	21	14
706	5668	RI	63	14
707	79766	HA	41	14
708	86414	RI	45	14
709	86414	RI	57	14
710	86330	RI	231	14
711	7806	SU	21	14
712	86388	PO	109	15
713	86576	RV	11	15
714	86198	DP	27	15
715	86598	DO	10	15
716	5668	RI	49	15
717	86146	PO	149	15
718	86290	SU	83	15
719	82016	HA	29	15
720	86640	HA	13	15
721	250	SU	14	15
722	86414	RI	22	15
723	86414	RI	130	15
724	86330	RI	41	15
725	86388	PO	71	15
726	85880	NC	24	16
727	86362	HA	29	16
728	86598	DO	14	16
729	86482	RV	223	16
730	85968	RV	243	16
731	161954	IF	5	16
732	86642	RV	183	16
733	86414	RI	109	16
734	85830	SU	4	16
735	7944	DP	134	16
736	86400	RI	18	16
737	86388	PO	108	16
738	86706	FN	76	16

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
739	86534	RV	147	16
740	86576	RV	54	17
741	85880	NC	20	17
742	86362	HA	43	17
743	4914	CO	6	17
744	86344	SU	44	17
745	86598	DO	16	17
746	82016	SU	74	17
747	61952	RI	54	17
748	250	SU	27	17
749	86474	SU	16	17
750	86414	RI	60	17
751	86414	RI	24	17
752	86388	PO	8	18
753	5514	XB	236	18
754	86344	SU	81	18
755	86344	SU	46	18
756	86198	DP	77	18
757	86204	RV	40	18
758	86456	DP	30	18
759	121956	SU	11	18
760	86414	RI	82	18
761	86330	RI	75	18
762	86388	PO	72	18
763	7848	RI	80	19
764	86654	SU	25	19
765	5514	XB	47	19
766	86362	HA	28	19
767	86344	SU	94	19
768	86198	DP	5	19
769	86598	DO	6	19
770	86598	DO	9	19
771	86558	HA	110	19
772	2976	DP	10	19
773	7868	RI	47	19
774	79766	HA	9	19
775	86414	RI	124	19

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
776	86414	RI	33	19
777	86330	RI	3	19
778	86330	RI	64	19
779	5720	DP	64	19
780	86660	NC	13	19
781	86388	PO	9	20
782	85780	SU	55	20
783	86598	DO	37	20
784	86290	SU	17	20
785	82016	HA	131	20
786	82016	HA	26	20
787	7868	RI	54	20
788	86246	DP	113	20
789	79766	HA	45	20
790	86414	RI	39	20
791	86330	RI	144	20
792	86330	RI	182	20
793	86598	DO	206	20
794	86660	NC	9	20
795	5514	TX	23	20
796	232	SU	54	21
797	85880	NC	18	21
798	86456	RV	92	21
799	86598	DO	6	21
800	86290	SU	85	21
801	85968	RV	63	21
802	232	DP	53	21
803	7868	RI	69	21
804	80026	RV	72	21
805	80026	DP	23	21
806	80026	DP	52	21
807	121956	SU	85	21
808	7806	SU	43	21
809	86672	EF	229	22
810	86388	PO	16	22
811	86540	FN	18	22
812	86598	DO	4	22

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
813	86598	DO	9	22
814	86290	SU	37	22
815	82016	HA	85	22
816	86204	RV	5	22
817	86680	CD	28	22
818	121956	SU	1	22
819	2976	DP	11	22
820	2976	DP	57	22
821	2976	DP	42	22
822	86640	HA	28	22
823	61952	RI	25	22
824	86396	CD	55	22
825	690	SU	59	22
826	86246	DP	36	22
827	121958	KA	30	23
828	4932	RI	136	23
829	86598	DO	23	23
830	86640	HA	2	23
831	86396	CD	7	23
832	85830	SU	35	23
833	85830	SU	15	23
834	85830	SU	1	23
835	86634	CU	89	23
836	86674	EF	93	24
837	86576	RV	36	24
838	86146	PO	2	24
839	86146	SU	48	24
840	86680	CD	11	24
841	2976	DP	62	24
842	86640	PO	27	24
843	86246	SU	32	24
844	5514	XB	86	25
845	7762	IF	9	25
846	121958	KA	18	25
847	86344	SU	45	25
848	86598	DO	23	25
849	82016	HA	41	25

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
850	86456	DP	86	25
851	61952	IF	232	25
852	86396	CD	47	25
853	7880	NC	24	25
854	7806	SO	12	25
855	86362	HA	156	25
856	81276	DP	431	25
857	2976	DP	1	26
858	232	SU	147	26
859	86640	HA	3	26
860	86330	RI	133	26
861	41966	SU	38	26
862	86442	CD	46	27
863	85968	RV	102	27
864	232	SU	2	27
865	86396	CD	53	27
866	86414	RI	50	27
867	86414	RI	18	27
868	86330	RI	102	27
869	5514	TX	24	27
870	5514	TX	22	27
871	61952	IF	129	28
872	86396	CD	2	28
873	81276	DP	280	28
874	85968	RV	54	29
875	86456	DP	173	29
876	85830	SU	2	29
877	7806	SO	86	29
878	86672	BM	141	30
879	86598	DO	9	30
880	86558	HA	13	30
881	250	SU	37	30
882	81446	DP	30	30
883	86330	SU	24	30
884	86330	RI	28	30
885	86388	PO	41	30
886	86496	RI	119	31

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
887	4914	CO	10	31
888	86290	SU	32	31
889	86290	SU	35	31
890	86290	SU	24	31
891	86504	RV	44	31
892	41966	SU	2	31
893	86576	RV	98	32
894	86362	HA	30	32
895	82016	HA	29	32
896	161974	RI	23	32
897	41964	TX	3	32
898	80026	DP	200	32
899	86584	DP	34	32
900	86634	XB	63	32
901	86388	PO	15	33
902	86518	TU	40	33
903	86246	DP	185	33
904	86414	RI	97	33
905	81446	IF	5	33
906	232	HA	58	33
907	86598	DO	12	34
908	86558	HA	48	34
909	86572	SU	12	34
910	86414	RI	209	34
911	81446	DP	1	34
912	5720	DP	2	34
913	85780	SU	62	35
914	85880	NC	7	35
915	86716	CO	2	35
916	161954	IF	57	35
917	161954	RI	121	35
918	86090	SU	13	35
919	121956	SU	19	35
920	41950	DP	91	36
921	79766	HA	27	36
922	85880	NC	18	37
923	86198	DP	29	37

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
924	86598	DO	53	37
925	86640	HA	38	37
926	79766	HA	20	37
927	80026	RV	190	37
928	86330	RI	184	37
929	5514	TX	18	37
930	86198	DP	1	38
931	250	SU	32	38
932	86704	RO	3	38
933	5514	TX	50	38
934	4914	CO	24	39
935	232	RI	19	39
936	690	SU	10	39
937	82016	HA	56	40
938	7880	TU	11	40
939	7762	IF	18	41
940	41956	SU	16	41
941	161950	CO	54	41
942	86330	RI	116	41
943	86706	FN	12	41
944	7762	IF	10	42
945	2976	DP	33	42
946	86634	CU	9	42
947	161954	IF	22	43
948	86456	DP	213	43
949	86562	CD	25	43
950	41956	SU	3	44
951	41964	TX	72	44
952	86414	RI	31	44
953	41966	SU	15	44
954	86388	PO	133	45
955	690	SU	26	45
956	5514	TX	20	45
957	232	HA	23	46
958	80026	DP	263	46
959	86090	SU	30	46
960	86090	SU	3	46

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
961	86330	RI	19	47
962	86572	SU	3	47
963	86674	EF	126	49
964	41964	TX	5	49
965	5668	RI	206	50
966	86198	DP	7	51
967	690	SU	85	51
968	86598	DO	23	52
969	161954	IF	27	52
970	121956	SU	42	52
971	86456	RV	58	53
972	86558	HA	39	53
973	161954	IF	7	53
974	41950	XB	26	54
975	4914	CO	19	54
976	86414	RI	84	54
977	86090	SU	7	54
978	85968	RV	258	55
979	86634	XB	21	55
980	86634	CU	8	55
981	86518	TU	19	56
982	161954	IF	75	56
983	86634	CU	87	57
984	86634	CU	18	58
985	161954	IF	15	59
986	41964	TX	18	59
987	86664	EF	250	59
988	232	RI	103	60
989	61952	IF	124	60
990	86204	RV	90	62
991	86414	RI	248	62
992	86634	XB	10	62
993	85880	NC	40	64
994	86246	DP	16	65
995	41964	TX	21	67
996	86090	SU	2	67
997	5514	TX	37	67

ID bélier	# Ferme fictif	Groupe de race	# Progén.	Diff. (MAT-UHP-ISM+)
998	5514	TX	21	67
999	86518	TU	64	68
1000	5514	TX	25	73
1001	5514	TX	21	74
1002	5514	TX	22	75
1003	86674	EF	132	77
1004	86674	EF	154	78
1005	41964	TX	37	85
1006	41964	TX	15	89
1007	86674	EF	100	90

Annexe D. Communication générale transmise à tous les utilisateurs du programme GenOvis le 4 novembre 2016, avant la mise en ligne du nouveau programme génétique

Le changement de programme GenOvis se fera **lundi le 7 novembre au matin**. Nous vous aviserons lorsque le nouveau programme sera en ligne et vous pourrez consulter les nouvelles valeurs génétiques de vos animaux. Voici la liste des différentes améliorations apportées au programme GenOvis :

#### **Mise à jour de la base génétique**

Nous avons profité de la mise à jour du programme génétique pour mettre à jour la base génétique. La population de référence (ou base génétique) ne sera plus l'année 2000. Vous comparerez maintenant vos valeurs génétiques (ÉPD et indices) aux animaux nés ou les brebis ayant agnelé en 2010.

#### **Révision des héritabilités et des corrélations entre les différents caractères**

Cette mise à jour permettra d'obtenir de meilleures estimations des valeurs génétiques (ÉPD et indices). Les héritabilités (transmission des caractères d'une génération à l'autre) et les corrélations (liens entre les caractères) sont calculées à partir de l'ensemble des données de la base. En d'autres termes, il y aura un meilleur équilibre entre l'influence des performances des parents et des collatéraux ainsi que celles des autres caractères pour l'évaluation génétique d'un caractère.

#### **Meilleure estimation du poids à la naissance des animaux non pesés**

Les agneaux non pesés à la naissance se verront attribuer un nouveau poids pour le calcul du poids ajusté à 50 jours. Au lieu d'un 4 kg attribué à toutes les valeurs manquantes, la moyenne de la race ou regroupement de la race sera utilisée. Ainsi, une meilleure évaluation du poids à 50 jours sera réalisée pour les éleveurs qui ne saisissent pas toutes les valeurs de poids à la naissance.

#### **Trois types de mères seront maintenant considérés dans le modèle**

Le nouveau programme génétique va attribuer le mérite des agneaux sevrés à la bonne brebis. L'information, présente dans GenOvis, sur l'utilisation des biberons ou des adoptions sera considérée lors de l'évaluation génétique du poids à 50 jours direct ou maternel. Ce n'est pas le cas dans le programme actuel où la mère biologique reçoit tout le crédit qu'elle ait élevé ou non sa progéniture.

#### **Amélioration des groupes de races**

Les rangs centiles des ÉPD et indices sont les valeurs à privilégier pour connaître le potentiel d'un animal à l'intérieur de sa race ou son regroupement de races (pour les races à petit effectif). Une augmentation du nombre de groupes de races permettra à plusieurs races d'avoir une meilleure indication des animaux «améliorateurs» et «détériorateurs» en utilisant la valeur des rangs centiles comme référence.

#### **Le rang centile est essentiel pour connaître la valeur génétique d'un sujet**

Vous verrez que les valeurs des différents ÉPD et indices sont parfois bien différentes de celles que vous utilisez présentement. Elles ne sont pas comparables entre les deux programmes. Vous devriez vous fier davantage sur les rangs centiles pour connaître la position de vos animaux par rapport à leur race ou groupe de races. Le nouveau modèle de calculs des évaluations génétiques ne positionne plus tous les sujets par rapport à la moyenne de leur race et ce changement améliore la précision des évaluations. Ainsi des valeurs très négatives en indices ou en ÉPD peuvent être amélioratrices pour un caractère alors que d'autres valeurs bien positives peuvent être détérioratrices pour un autre caractère selon les différentes races ou groupes de races.

Toutes ces améliorations augmenteront la précision des évaluations génétiques calculées par le programme GenOvis. Le nouveau classement des sujets avec cette version améliorée du programme permettra de cibler les animaux les plus performants d'un point de vue économique au sein de votre entreprise.

N'hésitez pas à communiquer avec nous par courriel ([genovis@cepoq.com](mailto:genovis@cepoq.com)) ou par téléphone (418 856-1200, poste 224) pour toutes questions concernant le nouveau programme GenOvis.

L'équipe génétique du CEPOQ

Annexe E. Résultats des analyses pour chacune des races, au sein des troupes de nos utilisateurs et communications spécialisées réalisées dans le cadre du projet.

Tableau 16. Différentiel, en rang centile, par race par troupeau

#	Commentaires
1	HA: -10 / SU: -3.62
2	DP: -3.5 / HA: 1.04 / RI: 14.95 / SU: -2.5 (IST) / XX: -20.3
3	DP: -1.26 (9 > -30) / OX: -0.7 / SU: 0.25 / TX: 6.5
3	SU: 10.08
4	SU: -4 (3 > -30)
5	DP: 0.89
6	XX: -.18 (14 > -30)
7	SU: 16.9
8	DP: -19.4 (26/28 négatif) (9 > -30) Père IGR135W
9	RI: -14.3 (608/770 négatif) (131 > -30)
10	DP: -1.39 (43 > -30 mais 33 > +30) / HA: -3.96 (20/27 négatif)
11	CO: -1.58 (5 > -30 mais 4 > 30) / RI: 1.96
12	pas de donnée depuis 2013 / RI: 12.3 / TX: 4.40
13	DP: -4.2 (1 > -50) / DP/RI: 4.8 / RI: -8.5 (8 > -30) / XX: 11.3
14	DP/RI: 3.7 (14 > -30 mais 35 > +30) / TX: 32 / XX: 18
15	DP: -1.41 (3 > -30 mais 4 > +30)
16	RI: 3.5
17	RI: 1.89 (16 > -30 mais 20 > +30)
18	DP: 7.3 / SU: -2.1 / TX: 6.4
19	DP: 3.09
20	IF: 11.8 / RV: -14.8 (22 > -30)
21	KA: 4.5 (3 > -30) / RI: 3.48 (6 > -30 mais 11 > +30) / SU: 1 (1 = -65)
22	RI: -0.14
23	HA: 6.5 / IF: -3.23 / SO: -4.9 / SU: 0.2 (5 > -30 mais 4 > +30)
24	RI: -4.24 (4 > -30 mais 1 > 30) (129/211 négatif)
25	SU: -3.11
26	BC: -35 (tous négatifs)
27	RI: 4.65
28	NC: 13 / TU:19.25
29	RI: 3.57
30	DP: 9.2 / DP/RI: -3.05 (10 > -30 mais 5 > +30) / XX: 27.8
31	RI: -9.5 (24 > -30)
32	
33	aucune donnée
34	DP: 8.75 (9 > -30 mais 39 > +30) / XB: 35.5
35	SU: 30.64 (IST)
36	TX: 12.8 (2 > -30 mais 18 > +30) (IST)
37	SU: 23 (3 > 30 mais 38 > +30) (IST)
38	pas de données 2014-2015 / RI: 0.5 / SU: 14.3 / TX: -18 (béliers terminaux)

#	Commentaires
39	RV: 6.75
40	IF: 6.67 (IST) / RI: -3.4 (8 > -30 mais 6 > +30)
41	SU: 15.14 (IST)
42	pas de données
43	DP: -4.08 (2 > -30) / XX: -10.8 (10 > -30 mais 2 > +30)
44	SU: 12.1
45	CO: -9.76 (10 > -30) (90/115 négatif) (IST) / CO/RV: -9.61 / RV: -8.38 (10 > -30) (8/105 négatif) / XX: -16.04
46	CD: -5.5 (16 > -30 mais 1 > +30) / CO: -11.01 (3 > -30) / IF: 3.2 / RI: -4.4 (22 > -30 mais 9 > +30)
47	SU: 9.3 (IST)
48	XX: 0.5
49	pas de données 2015-2016 / CD: -6.6 / IF: 4.4 / IF/RI: 24.1 / RI: -4.7 / XX: 8.6
50	CD: -1.4 / PO: -34.3 / SU: -3.5 / XX: -9.9 (14 > -30 mais 4 > +30)
51	CD: -11.96 (7 > -30) / DH/DP: -16.85 (12 > -30) / SH: -3.96
52	KA: -1.61 / KA/WD: -6.78
53	HA: 20.6 (IST)
54	DP: 10.6 / RV: 10.4
55	DP: 1.5 / DP/RI: 11.7 / RI: 20.8 (béliers)
56	DP: 4.77 (24 > -30 mais 30 > +30) / DP/IF:1.08 / IF: 14 / XX: 2.59
57	HA: 8.4 (IST) / DP/RV: 10.7 / RV: 11.79
58	Pas de données 2015 DP: -6.29 (4 > -30) / RV: 0.77 (2 > -30)
59	PO: 13.21 / RI: 4.19 / SU:-2.47 (12 > -30 mais 4 > +30)
60	RI: 19.16 / SU: 6.96 (IST) / XB: 3.56
61	PO: 3.53
62	RV: -5.91 (11 > -30 mais 1 > +30)
63	BC: -8.48 (7 > -30 mais 2 > +30) / NC: 18.27
64	DP: 20.14 / RI: -0.4 (6 > -30 mais 11 > +30)
65	RI: -2.75
66	DP: 24.23 / DP/RV:10.17 / SU: 33.78 / RV/SU:29.4
67	SU: 0.9 (IST)
68	RV: 21.92
69	PO: 10.67 / SU: 19.68 / XX: 3.03
70	CD/RI: -4.19 / IF: 16 / IF/RI: 16.59 / RI: -4 (43 > -30 mais 4 > +30)
71	DP: 6.96 / DP/RV: 14.41 / RV: 6.06 / SU: 5.66 / XX: -15.15
72	DP: 12.88 / DP/RV: 4.33 / RV: 4.58
73	DP: 7.7 / RV: 8.55
74	BL: -22.75 / BL/RV: -2.82 / DP: 19.65 / DP/RV-DP/RI: 8.8 / RV: -5.33 / SU: 0.38 (IST) / XB: 3.13
75	DP: -1.48 (14 > -30 mais 7 > +30) / RV: 1.59 / XX: -7.92

#	Commentaires
76	DP/RV: 7.0 / DP/SU: 3.7 / RV: 12.17 / RV/SU: 0.68 / SU: 3.29 (IST)
77	DP: 10.71 / DP/RV: -2.90 / DP/RI: 6.79 / RI: 1.01 / RV: 1.94
78	DP: 5.94 / DP/RV: 3.43
79	RI: 9.37 (ISM+)/ SU: 1.67 (IST)
80	RV: 11.73 / SU: 8.02 (IST)
81	DP: 0.925 / XX: 6.95
82	BL: -32.29 (ISM+)/ BL/RV: 1.63 / DP/RV: 8.97 / HA: 6.25 (IST) / RV: -3.03 (ISM+)/ XX: 4.9
83	DP: 25 / RI: 18.97 / RO: 54.5 / SU: 0.17 (IST) / XX: 15.36
84	DP/RV: 0.86 / RV: 9.19 / XX: -12.40
85	PO: 8.53
86	CD: 4.28 / CD/XX: 19.57 / RI: 0.77 / XX: 22.12
87	RI: 2.63 (ISM+)
88	RI: 8.48 (ISM+)
89	CD: 5 (IST) / CD/RV: 16.40 / DP: -7.4 (7 > -30) / DP/RI: 4.5 / RV: -11.2 / DP/RV: -9.70 / SU: 3.25 (IST) / XX: -7.3 (Finalement, n'ont plus de DP)
90	RI: 9.83
91	IL: 0.82 (12 > -30 mais 11 > +30)
92	DP: 9.4 / DP/RV: 13.4 / HA: 22.4 / RV: 11.66
93	DP: 11.5 / DP/RV: 28.8 / RV: 8.24 / HA: -1.6
94	RI: 6.69
95	DP: -1.53 (ISM+) / SU: 4.72 (IST)
96	RV: 4.36
97	RV: 0.51 (11 > -30 mais 2 > +30)
98	RV: -1.43
99	DP/RV: 3.99 / RI: 8.7 / RV: 27.4 / XX: 3.57
100	RI: 8.6
101	RV: 3.72 (7 > -30 mais 3 > +30)
102	XB: 29.9 / RI: 9.85 / RV: 7.15 / DP:-17 / DP/RV: 13.37
103	RV: 6.84 / DP 1.5
104	NC: 18.31 / NC/TU: 10.41 / TU:26.8 XB: 22.05
105	DP: 11.75 / DP/RV: 6.5 / RV: 6.36
106	DP: 7.33 / DP/RV: 10.3 / RV: 5.14
107	DP/FN: 24.7 (52 > -30 mais 106 > +30) / FN: 8.99
108	RI: 7.5 / XX: -16.37
109	DP: -8 / DP/RV: 2.1 (bélief DP a baissé) / RV:8.16 / RV/SU: 1.5
110	DP: 21.5 / DP/RV: -3 / RV: 0.27
111	DP: 7.25 / RV: 7.86
112	BL/RV: -1.7 / DP/RV: 5.72 / PO:10.32

#	Commentaires
113	DP/RV: 8.80 / HA: 15.3 / PO: -0.33 (24 > -30 mais 19 > +30)/ RV:5.82 / RV/XX: -23 / SU:17.8 / XX: -13.08
114	DP: 43 / RV: 8.96
115	CD: 8.97 / RI: -0.75
116	CO: 2.8 / SU: 33.4
117	DP: 15.8 / SU: 12.76 / RV: 0.2
118	DP: 7.36 / DP/HA: 12.4 / PO: 0.75 / RV: -9.89 (RV sans pedigree) / XX: 6.69 / SU: 2
119	PO: 2.53
120	DO: -5.48 (9 > -30 mais 7 > +30)
121	IL: -8.65 (9 > -30 mais 3 > +30)
122	DO: -16.3 / DP/RV: -9.38 / XB: -9.7
123	RI: 4.9
124	RI: 9.02
125	DP: 20 / DP/RV: 19 / HA: 31 / RV: 1.79 / SU: -1.75
126	DP: 16.25 / RV: -1.29 / HA : 1.06 / PO: 19.83 / PO/RV: 4.08
127	RV: 4.22
128	DP: 10.8 / DP/RV: 32.6 / FN: 35 / RV: -3.59 (17 > -30 et 1 > +30)(pas de pedigree) / RV/XX: 22.17
129	RV: 1 / SU: 4.06
130	DP: 18 / DP/RV: 8.02 / RV: 3.36 / XB: 3.08
131	SU: 24.32
132	DP: 4.33 / DP/RV: 3.63 / RV: 8
133	NC: 22.93
134	CD: -11 (1 seul bélier) / SU: 5.43
135	CD: -3.89 (20 > -30 mais 7 > +30) / DP/CD: 14.1 / RV: -8 (bélier Laurens) / XB: 8.73
136	DP: 41 / DP/RI: 17 / RI: 11.1 / XX: -28.63
137	DO: -6.04 (vient de chez 43424)
138	SU: 16.9
139	DP: 12.27 / RV: 4.92
140	RV: -2.51 / DP: -2.5
141	DP: -5 / RV: 4.07
142	DP: 4.64 / DP/RV: 13.58 / RV: -2.44 / RV/SU: 22.52 / SU: 7.17 / XB: 13.87
143	FN: -33.4 (père américain)
144	RO: 21
145	RV: -2.35
146	RI: 6.73 / SU: 2.25
147	DP/RV: 31.67 / RV: 3.88
148	DO: -2.24 / RI: -2.37 / SU: -5.33 / XB: -12.5

149	CO: 3.73 / DO: -6 (43424) / SU: -7.25 / TX: 20
150	DO: -4.82 (43424)
151	aucune donnée
152	DO: -12 (43424)

**Exemple:**

9	RI: -14.3 (608/770 négatif) (131 > -30)
	<i>les sujets RI ont perdu, en moyenne, 14.3% (rang centile), 608 sujets sur 770 ont perdu des % et 131 sujets ont perdu plus de 30%</i>
8	DP: -19.4 (26/28 négatif) (9 > -30) Père IGR135W
	<i>26 sujets sur 28 qui ont perdu en rangs centiles, ces sujets proviennent principalement du même père</i>
3	SU: 10.08
	Les sujets SU ont gagné, en moyenne, 10.08% (rang centile)

En jaune, les éleveurs qui ont été contactés.

**Tableau 17. Tableau des communications spécialisées effectuées en cours de projet**

#	Communication générale	Analyse personnalisée	Questions ultérieures
A	-	2016-11-06	non
B	-	2016-11-06	oui
C	-	2016-11-06	non
D	2016-11-07	-	non
E	2016-11-05	2016-12-05	oui
F	2016-11-07	2016-12-05	non
G	2016-11-07	2016-12-05	non
H	2016-11-07	-	non
I	2016-11-07	2016-12-05	non
J	2016-11-07	-	oui
K	2016-11-06	2016-12-14	non
L	2016-11-06	2016-12-14	non
M	2016-11-06	2016-12-05	non
N	2016-11-06	2016-11-16	non
O	2016-11-06	-	non
P	2016-11-06	2016-11-16 + 2016-12-05	non

#	Communication générale	Analyse personnalisée	Questions ultérieures
Q	2016-11-06	2016-12-14	non
R	2016-11-06	2016-12-23	non
S	2016-11-06	2016-11-16	non
T	2016-11-06	2016-12-14	non
U	2016-11-06	2016-11-16	non
V	2016-11-06	2016-11-16	non
W	2016-11-06	2016-11-16	non
X	2016-11-06	2016-11-16	non
Y	-	-	oui
Z	-	2016-11-06	non
AA	2016-11-07	2016-11-08	oui

**Communication générale** : communication générale pour les éleveurs d'une race en particulier  
**Analyse personnalisée** : analyse individuelle d'un éleveur afin d'expliquer les variations d'indices observées

## Annexe F. Vulgarisation en lien avec le projet

## 2016, une année riche en améliorations pour le programme d'évaluation génétique canadien GenOvis

*Depuis sa création, le programme d'évaluation génétique canadien des ovins à domicile GenOvis se doit d'être évolutif. Au fil des ans, il a su s'adapter aux besoins changeants de l'industrie ovine canadienne. Sa grande capacité d'adaptation lui a permis d'intégrer en 2005 l'épaisseur de l'œil de la longe et du gras dorsal à ses évaluations génétiques et en 2011, il a également su relever le défi de l'informatisation avec la mise en ligne de sa plate-forme sur Internet.*



L'industrie ovine canadienne a subi d'importantes transformations depuis le début des années 2000. La rentabilité des entreprises, la qualité bouchère des animaux, l'assainissement des troupeaux et plusieurs autres éléments sont maintenant au cœur de la réussite des bergeries. Ce qui influence inévitablement les objectifs de sélection des animaux reproducteurs. De plus, depuis ses débuts, la base de données du programme GenOvis ne cesse de se bonifier. Cela permet alors d'optimiser le modèle d'évaluation génétique et ce dans le but d'améliorer davantage la réponse à la sélection. Tous programmes d'évaluations génétiques se doivent d'être en évolution constante afin de s'assurer que les réponses obtenues par la sélection correspondent réellement aux besoins du marché. De nouveaux caractères s'ajoutent, la taille de la population change, les corrélations entre les caractères évoluent en fonction de la sélection réalisée dans le passé, etc. Il est donc essentiel d'apporter les ajustements nécessaires à la réalisation de ces objectifs. Vu l'importante évolution du secteur ovin des dernières années, la révision du programme GenOvis était devenue inévitable. Ce travail important a été réalisé par une équipe de travail composée de généticiens de renommée, de programmeurs et d'intervenants du milieu ovin canadien. Des analyses ont permis de cibler les améliorations à prioriser qui permettront de

perfectionner le programme et de le rendre mieux adapté aux besoins actuels de l'industrie.

Cet article vise à faire découvrir les principales améliorations que subira le programme d'évaluation génétique GenOvis avant la mise en place de sa version améliorée prévue en 2016 ainsi que les avantages de ces changements sur les évaluations génétiques des animaux évalués.



### Lawrence R. Schaeffer

Généticien de renommée mondiale, Dr Schaeffer est le père fondateur du programme d'évaluation génétique utilisé chez le bovin laitier. Passionné de génétique, il a transmis sa passion par l'enseignement en étant professeur du département génétique de l'Université de Guelph durant

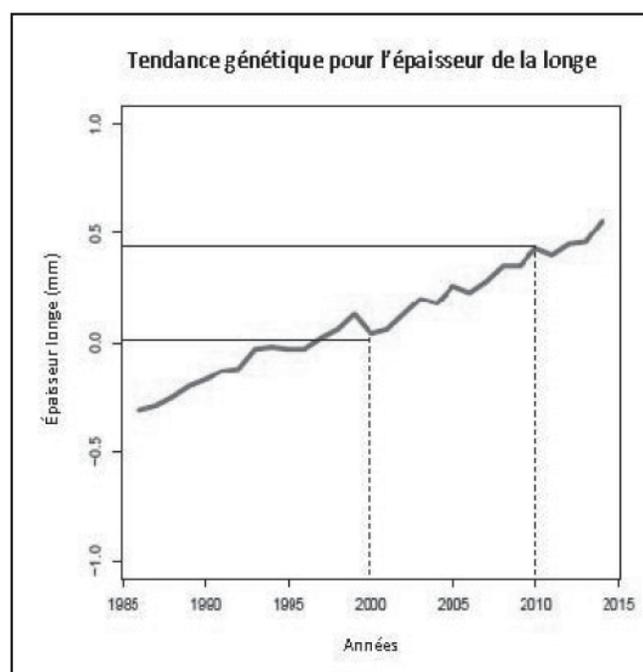
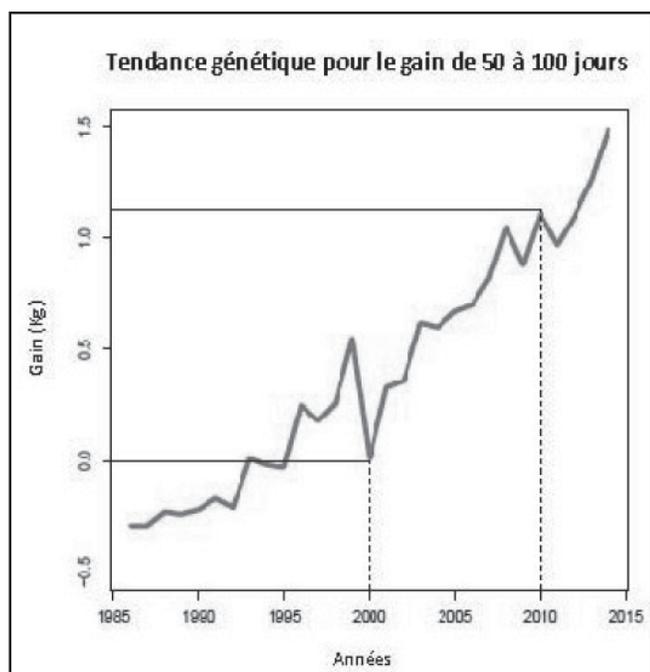
plusieurs années. Maintenant à la retraite, Dr Schaeffer est toujours aussi impliqué dans de nombreux projets dont un visant à utiliser la génomique afin d'augmenter la résistance aux maladies des saumons de l'Atlantique. Depuis, plusieurs années, il est également responsable du développement du nouveau programme d'évaluation génétique des ovins bouchés et laitiers (GenOvis).

## Mise à jour de la base génétique

**Description de l'amélioration :** Chaque ÉPD mesure la supériorité ou l'infériorité génétique d'un animal par rapport à un groupe d'animaux de référence que l'on nomme base génétique. L'ÉPD moyen de cette population de référence est par convention égal à 0. Depuis sa création, le programme GenOvis utilise une base fixe dont l'année de référence est 2000. Ainsi, pour les ÉPD de production (taux survie, poids naissance, poids à 50 jours, gain de 50 à 100 jours, épaisseur de longe et de gras) la base génétique correspond à la moyenne des performances des agneaux nés en 2000. Et pour les ÉPD de reproduction (âge 1<sup>er</sup> agnelage, # nés 1<sup>er</sup> et aux agnelages suivants, # sevrés 1<sup>er</sup> et aux agnelages suivants et intervalle d'agnelage), la base génétique correspond à la moyenne des performances des brebis qui ont agnelées en 2000. Ce qui signifie que la valeur 0, qui est égale au 50 % de rang centile de la race pour les différents ÉPD évalués, correspond aux performances moyennes des agneaux nés en 2000 ou des brebis qui ont agnelées en 2000. L'utilisation d'une base fixe a l'avantage de permettre de voir facilement la progression ou la régression des valeurs génétiques (ÉPD) dans le temps pour une race ou un groupe de race défini. La base fixe est immobilisée et peut être réévaluée lorsque la progression génétique a atteint un certain niveau. Avec le progrès génétique réalisé depuis 2000, une mise à jour était donc nécessaire. La version améliorée du programme GenOvis utilisera comme base génétique la moyenne des performances des agneaux nés ou des brebis qui ont agnelées en 2010 (plutôt qu'en 2000). Pour le futur, une mise à jour plus régulière de la base génétique pourrait être effectuée si le progrès génétique réalisé chez les ovins canadiens est supérieur.

Les deux figures ici-bas présentent l'amélioration génétique du gain de 50 à 100 jours et de l'épaisseur de la longe de 1985 à 2015 pour les animaux participant au programme GenOvis. Pour ces deux caractères, les données démontrent une amélioration des performances entre 2000 et 2010.

**Avantages :** L'utilisation de la base fixe basée sur la moyenne des agneaux nés et des brebis ayant agnelées en 2010 permettra de positionner plus adéquatement un animal dans sa population, puisque l'objectif est de retrouver environ 50 % des animaux actuels sous 0 et 50 % au-dessus de 0. Lorsque la base est fixée trop loin de l'année en cours et qu'il y a eu beaucoup de progrès génétique, il devient plus difficile de cibler les animaux sous la moyenne des performances. Ainsi, la mise à jour de la base fixe sera plus représentative du positionnement réel de l'animal par rapport à la moyenne des animaux sélectionnés au cours des dernières années. Par exemple : prenons le cas d'une amélioration génétique positive entre 2000 et 2010, comme ce qui est observé pour l'épaisseur de la longe. Dans ce cas, un animal ayant un ÉPD égal à 0 dans le système actuel (base fixée année 2000) deviendra alors avec un ÉPD inférieur à 0 avec la nouvelle base génétique (base fixée année 2010). Cela est plus représentatif de la réalité, puisque cet animal est détériorateur par rapport aux animaux sélectionnés en 2010, alors qu'il était égal à la moyenne des animaux sélectionnés en 2000 pour le caractère de la longe.



## Révision des héritabilités et des corrélations

**Description de l'amélioration :** Lorsque le modèle de calcul a été monté au début du programme GenOvis, la base de données était beaucoup plus petite que celle d'aujourd'hui. À l'époque, les généticiens ont dû estimer les héritabilités et les corrélations utilisées dans le module de calcul à partir des données de seulement 4 races. Aujourd'hui, les généticiens ont l'avantage de disposer d'une base de données plus complète. Suite à l'analyse, Dr. Schaeffer a recommandé d'effectuer plusieurs modifications au niveau des héritabilités et des corrélations à utiliser dans le nouveau modèle ovin canadien. Dans une population soumise à de la sélection, il est important de réviser les héritabilités et les corrélations entre les différents caractères environ une fois toutes les 5 à 10 générations, car ceux-ci évoluent et changent avec l'amélioration génétique effectuée.

**Héritabilité** | C'est le niveau de transmission génétique d'un caractère.  
Élevé → Qualité carcasse  
Moyen → Croissance  
Faible → Prolificité

**Avantages :** Les modifications qui seront apportées aux héritabilités et aux corrélations du programme actuel augmenteront la fiabilité des évaluations génétiques produites par le programme GenOvis en reflétant davantage l'interaction réelle entre les différents caractères ainsi que le niveau de transmission génétique attendue. Les nouvelles valeurs se rapprochent davantage à celles utilisées dans les autres productions animales.

**Corrélation** | Mesure les liens existants entre les caractères évalués.  
Plus la corrélation est élevée entre 2 caractères, plus ils seront influencés entre eux.

## Meilleure estimation du poids à la naissance des animaux non pesés

**Description de l'amélioration :** Le programme actuel attribue automatiquement un poids à la naissance de 4 Kg à tous les animaux non pesés à cette période, peu importe la race. La variété de taille des races évaluées dans le programme GenOvis est grande et suite à une analyse approfondie des poids moyens des agneaux à la naissance, il a été déterminé qu'il serait préférable d'utiliser la moyenne de chacune des races ou groupe de race dans le calcul des évaluations génétiques des agneaux non pesés. Donc, la version améliorée du programme GenOvis utilisera le poids moyen à la naissance en fonction de la race ou du groupe de race pour les animaux non pesés à la naissance au lieu du 4 kg présentement utilisé. Actuellement, d'autres facteurs tels que le nombre d'agneaux nés, l'âge de la brebis, le bélier et le sexe de l'agneau sont tenus en compte dans le modèle d'évaluation génétique pour l'ÉPD poids naissance

et tous ces facteurs seront conservés dans la version améliorée.

**Avantages :** Le 4 kg mis par défaut à tous les animaux non pesés à la naissance dans le modèle actuel a pour conséquence de surestimer ou sous-estimer certaines races. Il a également pour effet de surévaluer ou sous-évaluer certains animaux pesés d'une race comparativement aux animaux non pesés et ceci peut avoir un grand impact à l'intérieur d'un même troupeau quand vient le temps d'effectuer de la sélection. Le poids à la naissance est utilisé pour calculer le poids ajusté à 50 jours et est un caractère inclut dans le calcul des évaluations génétiques. L'utilisation de poids à la naissance plus représentatif de chacune des races ou groupes de races apportera une meilleure précision des évaluations génétiques. Évidemment, pour une meilleure précision, il serait préférable pour les utilisateurs de peser les agneaux à la naissance.

Trois types de mères seront maintenant considérés dans le modèle (mère génétique, mère porteuse et mère nourrice)

**Description de l'amélioration :** Dans le modèle de calcul actuel, le type de mère n'est pas considéré dans le calcul des évaluations génétiques. Donc, un agneau nourrit par sa mère biologique, un agneau ayant un allaitement artificiel et un agneau nourri par une nourrice sont tous considérés comme étant alimentés par sa mère génétique. De plus, un agneau né d'une mère porteuse est considéré né de sa mère biologique. Dans le nouveau modèle d'évaluation génétique, chaque agneau pourra avoir jusqu'à 3 différentes mères pouvant influencer ses performances. La version améliorée proposée permet de différencier les trois types de mères possibles, soit la mère génétique qui est celle ayant contribué à la moitié de l'ADN de l'animal, la mère porteuse qui est celle qui porte les embryons et donne naissance aux agneaux ainsi que la mère nourrice qui allaite l'agneau de la naissance au sevrage (peut également s'agir d'allaitement artificiel). La base de données actuelle permet d'effectuer la distinction nécessaire entre les trois mères, mais l'information n'était pas utilisée dans le modèle d'évaluation génétique. Ainsi, les données déjà récoltées depuis la création de GenOvis pourront être utilisées dans le nouveau modèle d'évaluation génétique.

**Avantages :** Biologiquement la mère porteuse a une influence sur la survie et le poids à la naissance. Tandis que la mère nourrice influence le poids à 50 jours, le gain de 50 à 100 jours, l'épaisseur de la longe et du gras de l'agneau. Alors que la mère génétique a une influence sur les 6 caractères de production (taux de survie direct, poids naissance direct, poids à 50 jours direct, gain de 50 à

100 jours, l'épaisseur de longe et de gras). Dans l'évaluation génétique actuelle, le nombre d'agneaux sevrés est évalué. Cependant, puisque les trois différents types de mères ne sont pas distingués, la brebis qui donne naissance à l'agneau gagne le crédit d'avoir sevré cet agneau même si c'est une autre brebis qui l'a sevré. Et la brebis qui sèvre cet agneau qu'elle a adopté n'a pas le crédit d'avoir sevré cet agneau. Ainsi, en prenant en considération les trois types de mère, la version améliorée du programme GenOvis permettra de mieux évaluer les qualités maternelles des brebis en leur attribuant leur contribution réelle à élever leurs agneaux.

### Modifications de la période des pesées, des mesures aux ultrasons ainsi que des poids et valeurs admissibles au calcul des évaluations génétiques

**Description des améliorations :** Le tableau ci-dessous présente les modifications qui seront apportées au niveau de la période des pesées et des valeurs acceptées dans le calcul des évaluations génétiques suite à l'analyse détaillée de la base de données.

**Avantages :** Dans la version améliorée, la période de la pesée à 100 jours ainsi que celle des mesures aux ultrasons sera la même, ce qui évitera aux participants de faire deux manipulations différentes pour le même groupe d'agneaux dans une courte période, donc une économie considérable

de temps. De plus, l'élargissement des valeurs acceptées pour le poids à la naissance (0,5 à 9,9 kg au lieu de 1,2 à 8,0 kg) permettra de mieux évaluer les agneaux qui se situaient à l'extérieur de l'intervalle acceptable et qui se voyaient attribuer le poids de 4 kg par défaut ce qui est extrêmement loin du poids réel de l'animal (puisque l'agneau d'agneaux ayant des poids inférieurs à 1,2 kg ou supérieurs à 8,0 kg). Cette situation avait comme conséquence de biaiser le poids à la naissance utilisé pour le calcul de l'évaluation génétique de l'animal. Le nouvel intervalle de poids accepté permettra alors d'inclure la presque totalité des animaux pesés à la naissance. La modification au niveau de l'intervalle pour la mesure de la longe a été définie à partir de l'analyse des valeurs minimum et maximum observées dans la base de données.

Au cours des prochains mois, les généticiens et l'équipe de travail de développement du programme GenOvis seront à finaliser les derniers détails. Un article complet concernant la mise à jour des indices sera publié dans l'édition de cet été de l'Ovin Québec avant la mise en place de la version améliorée du programme GenOvis. De plus, un webinaire gratuit traitant des améliorations du programme sera offert ce printemps. Pour plus d'informations concernant le programme GenOvis et ces nouveautés, nous vous invitons à communiquer avec l'équipe génétique du CEPOQ au 418 856-1200, poste 224. Il nous fera plaisir de répondre à toutes vos questions.

	Acceptés dans le modèle actuel	Acceptés dans le modèle amélioré
<b>Poids à la naissance</b>	Entre 1,2 et 8,0 kg	Entre 0,5 et 9,9 kg
<b>Période de la pesée à 50 jours</b>	Entre 28 et 69 jours	Entre 28 et 72 jours
<b>Poids à 50 jours</b>	Entre 2,5 et 40,0 kg	Entre 2,5 et 40,0 kg
<b>Période de la pesée à 100 jours</b>	Entre 70 et 120 jours	Entre 73 et 135 jours
<b>Poids à 100 jours</b>	Entre 7,0 Kg et 65,0 kg	Entre 7,0 Kg et 65,0 kg
<b>Délai minimum entre la pesée à 50 et à 100 jours</b>	28 jours	28 jours
<b>Période pour les mesures aux ultrasons</b>	Entre 70 et 135 jours	Entre 73 et 135 jours
<b>Mesure de la longe</b>	Entre 4 et 44 mm	Entre 10 et 44 mm
<b>Mesure du gras</b>	Entre 0,57 et 14,9 mm	Entre 0,57 et 14,9 mm

### Webinaire GRATUIT sur les améliorations du programme GenOvis

**S'adresse à qui :** Aux utilisateurs du programme GenOvis, aux éleveurs, aux producteurs et aux intervenants désirant en savoir plus sur les nouveautés à venir.

**Sujets traités :** Formation visant à faire connaître les différentes améliorations apportées au programme GenOvis et à ses évaluations génétiques ainsi que les avantages de ces modifications.

**Quand :** Printemps 2016 (disponible en français et en anglais)

**Coût :** Gratuit

**Où :** Formation donnée sur Internet dans le confort de votre foyer. Internet haute vitesse et écouteurs (ex.: écouteurs de Ipod ou téléphone) sont requis.



# Des indices de sélection mieux adaptés pour les éleveurs !

*Les besoins du secteur ovin ont évolué au cours des dernières années ce qui nécessitait de revoir les orientations de sélection génétique. Ainsi, à partir de novembre prochain, le programme d'évaluation génétique GenOvis renouvellera ses indices de sélection. Les ajustements qui seront intégrés visent un progrès génétique plus marqué et ciblant plus spécifiquement les caractères économiques d'intérêt en élevage ovin. Ces nouveaux indices répondent aussi aux besoins exprimés par les éleveurs de race pure et commerciaux dans les dernières années. Voici plus d'information sur ces changements qui auront certainement des répercussions positives pour l'industrie !*

Depuis l'implantation des indices dans le début des années 2000, les races ont évolué, et les besoins du marché ont changé. Le plus bel exemple est la sélection des sujets reproducteurs dans les races maternelles prolifiques. Ces races ont atteint un optimum au niveau du nombre d'agneaux nés. Les recommandations sont maintenant de mettre une plus grande emphase sur leurs aptitudes maternelles (poids des agneaux au sevrage, taux de survie, etc.), sur les caractères paternels (meilleure croissance et qualité de la carcasse) et ainsi de réduire l'emphase sur le nombre d'agneaux nés. D'autres caractères étaient aussi à améliorer au sein d'autres races moins prolifiques ou encore chez les races terminales. Ainsi, les 4 indices de sélection actuels (IST, ISC, ISM et ISM+) seront remplacés par 6 nouveaux indices, soit 3 sans mesures ultrasons (GAIN, MAT, MAT-HP) et 3 avec mesures ultrasons (CARC, MAT-U et MAT-UHP).

Quand vient le temps de sélectionner des animaux reproducteurs sur

la base de leur potentiel génétique, par exemple des agnelles de notre troupeau ou des béliers d'un autre troupeau, il est difficile d'identifier les meilleurs sujets en consultant uniquement les valeurs d'ÉPD<sup>1</sup> (Écart prévu chez les descendants). Pour les éleveurs qui doivent choisir leurs animaux reproducteurs en considérant l'ensemble des caractères évalués, le choix est souvent difficile, le nombre de caractères disponibles pour la sélection génétique étant très élevé. En plus du nombre élevé de caractères à prendre en considération, le potentiel génétique d'un animal varie souvent selon le caractère observé (tantôt « améliorateur », tantôt « détériorateur »). Ainsi, il est plutôt fréquent d'avoir des animaux qui ont d'excellentes valeurs génétiques pour un caractère et d'autres valeurs plus médiocres pour d'autres caractères (ex: EPD excellents pour les caractères de croissance, mais médiocres pour les caractères de reproduction). Ce phénomène s'observe d'autant plus que certains caractères ont des corrélations génétiques dé-

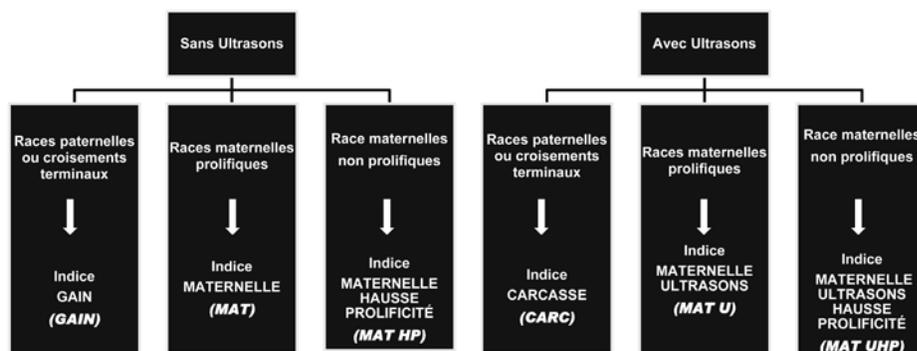
favorables entre eux. Par exemple, le gain de poids en pré ou en post sevrage a un lien génétique défavorable avec le poids de naissance. Alors, plusieurs animaux se retrouvent avec des ÉPD améliorateurs pour le gain pré et post sevrage et des ÉPD détériorateurs pour le poids de naissance (ou vice versa). Donc, comment s'y retrouver avec plusieurs valeurs génétiques sur un animal (les ÉPD) et certains ÉPD qui sont « améliorateurs » tandis que d'autres sont « détériorateurs » ?

Pour s'y retrouver et effectuer un travail de sélection multicaractères efficace, les producteurs ont un outil pour les aider: les **indices de sélection**. Un indice de sélection combine les valeurs génétiques des différents caractères de sélection à prendre en considération, pour obtenir une seule valeur de référence. Cette dernière les aide à présélectionner un groupe d'animaux reproducteurs se démarquant du lot, afin de sélectionner le ou les meilleurs sujets.

<sup>1</sup> L'ÉPD (Écart prévu chez les descendants) est une estimation de la valeur génétique qu'un animal transmettra à sa progéniture. Les ÉPD sont calculés en utilisant toutes les performances des animaux ayant un lien de parenté avec l'animal ainsi que les performances mêmes de l'animal. Les animaux possédant les meilleurs ÉPD pour un caractère sont ceux qui ont les plus fortes probabilités de produire une progéniture exceptionnelle pour ce caractère.

## Les indices renouvelés

Voici les 6 indices de sélection renouvelés qui seront disponibles à partir du 4 novembre prochain. Ils ont été développés selon différents modèles de production pour faciliter le travail des éleveurs de différentes races et des producteurs commerciaux. De plus, ils intègrent les améliorations apportées au programme GenOvis. Par exemple, des nouveaux ÉPD tel que le taux de survie, seront inclus dans les indices.



### Sujets sans mesures ultrasons

### Sujets avec mesures ultrasons

#### Indice GAIN (GAIN)

Cet indice permet de sélectionner les béliers dont tous les descendants seront destinés à l'abattoir. Il est utilisé pour les sujets qui n'ont pas de mesures aux ultrasons alors que seuls les caractères de croissance sont considérés dans le calcul. Il remplace l'actuel ISC (indice de sélection croissance).

#### Indice CARCASSE (CARC)

Cet indice permet de sélectionner les béliers dont tous les descendants seront destinés à l'abattoir. Il est également un excellent indice pour la sélection des sujets reproducteurs en races paternelles (ou terminales). Il est calculé et disponible seulement si l'éleveur participe aux prises de mesures aux ultrasons pour améliorer la qualité des carcasses. Il remplace l'actuel IST (indice de sélection terminal).

#### Indice MATERNEL (MAT)

Cet indice permet de sélectionner les femelles et les béliers en races maternelles prolifiques (ex: Arcott Rideau, Romanov), c'est-à-dire lorsque la prolificité est près de l'optimal visé. Nous cherchons ici à améliorer les caractères de reproduction (taux de survie (mat), poids naissance (mat), poids 50 jours (mat), etc.) en mettant une faible emphase sur l'amélioration du nombre d'agneaux nés.

#### Indice MATERNEL ULTRASONS (MAT U)

Cet indice est similaire à l'indice MATERNEL sauf qu'il comprend également les caractères de carcasse (longe et gras) mesurés aux ultrasons. Ainsi, il permet de sélectionner les femelles et les béliers en races maternelles prolifiques, c'est-à-dire lorsque la prolificité est près de l'optimal et présentant une carcasse plus favorable. Par cet indice, nous cherchons à améliorer les caractères de reproduction (taux de survie (mat), poids naissance (mat), poids 50 jours (mat), etc.) en mettant une faible emphase sur l'amélioration du nombre de nés. En plus des caractères de reproduction, les caractères de croissance et de qualité de la carcasse composent cet indice.

#### Indice MATERNEL HAUSSE PROLIFICITÉ (MAT HP)

Cet indice permet de sélectionner les femelles et les béliers en races maternelles non prolifiques (ex: Dorset), c'est-à-dire lorsque nous souhaitons améliorer davantage le nombre de nés à l'agnelage. Il permet également d'identifier les sujets très prolifiques. Nous cherchons à améliorer les caractères de reproduction en mettant l'emphase sur le nombre de nés.

#### Indice MATERNEL ULTRASONS HAUSSE PROLIFICITÉ (MAT UHP)

Cet indice est similaire à l'indice MATERNEL HAUSSE PROLIFICITÉ sauf qu'il comprend également les caractères de carcasse (gras et longe) mesurés aux ultrasons. Ainsi, il permet de sélectionner les femelles et les béliers en races maternelles non prolifiques, pour lesquelles nous souhaitons améliorer davantage le nombre de nés à l'agnelage, en plus des caractères de qualité de la carcasse. Cet indice permet également d'identifier les sujets très prolifiques. Nous cherchons à améliorer les caractères de reproduction en mettant l'emphase sur le nombre de nés.

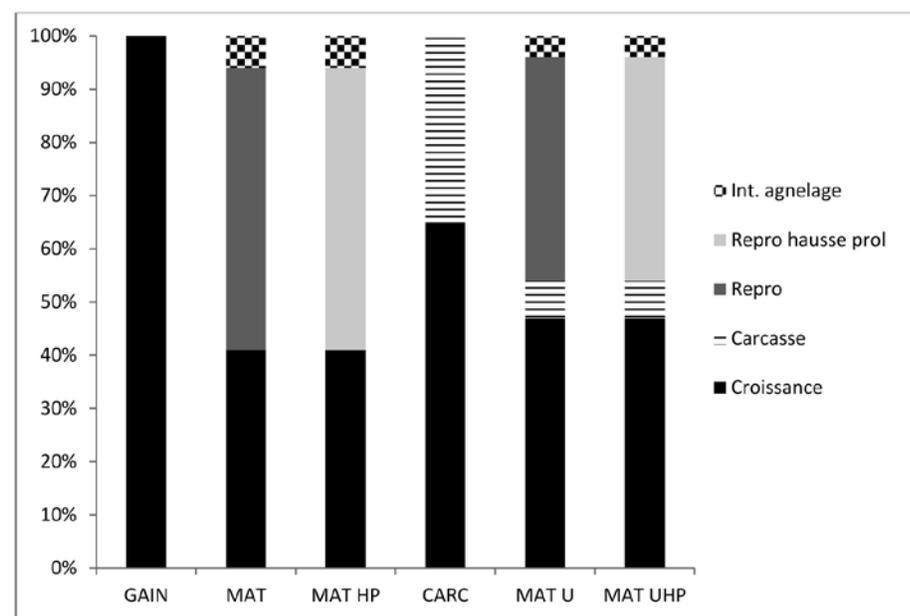
## Méthode de calcul des indices

Il y a 3 facteurs à considérer pour déterminer l'importance d'un caractère à l'intérieur d'un indice. Le premier est la **valeur économique du caractère**. Un modèle bioéconomique permet de calculer la valeur économique des différents caractères en sélection génétique. Ce modèle a été développé par un groupe de recherche de l'Université de Guelph et il a été publié lors d'un congrès génétique mondial<sup>2</sup>. Plus l'amélioration d'un caractère aura un impact important sur le retour économique d'un producteur, plus ce caractère aura une importance dans l'indice de sélection. Le 2<sup>e</sup> est l'**héritabilité de caractère**. L'héritabilité mesure le degré de transmission d'un caractère des parents aux descendants. Plus l'héritabilité est grande, plus le progrès génétique est rapide et, nécessairement, plus ce caractère sera important dans le calcul de la valeur d'indice. Finalement, le 3<sup>ème</sup> facteur est la **corrélation ou le lien avec les autres caractères**. Ce facteur prend en considération les effets favorables ou défavorables du progrès génétique d'un caractère sur les autres caractères

Pour donner une appréciation de l'importance relative des ÉPD dans les indices, la **figure 1** présente la pondération (en pourcentage) de sous-indices dans les indices selon : la croissance, la qualité de la carcasse, les qualités de reproduction et reproduction pour une plus grande prolificité ainsi que l'intervalle agnelage. Par exemple, l'**indice CARCASSE** est constitué à 65% des caractères de croissance et 35% des caractères de carcasse. En ordre d'importance, ces sous-indices sont constitués des ÉPD suivants :

### Croissance :

- ÉPD Gain 50 à 100 jours;
- ÉPD Poids à 50 jours (direct);
- ÉPD Poids de naissance (direct);



**Figure 1 :** Importance relative des caractères dans les 6 indices de sélection selon les catégories croissance, carcasse, reproduction, reproduction hausse prolificité et intervalle agnelage.

- ÉPD Taux de survie (direct);
- Carcasse :**
  - ÉPD Épaisseur l'œil de la longe;
  - ÉPD Épaisseur du gras dorsal;
- Reproduction :**
  - ÉPD Poids 50 jours (maternel)
  - ÉPD Taux de survie (maternel)
  - ÉPD Poids naissance (maternel)
  - ÉPD Nombre de nés agnelages suivants
  - ÉPD Nombre de nés 1<sup>er</sup> agnelage
  - ÉPD Poids sevrage total agnelages suivants
  - ÉPD Poids sevrage total 1<sup>er</sup> agnelage
- Reproduction hausse prolificité :**
  - ÉPD Nombre de nés agnelages suivants
  - ÉPD Poids 50 jours (maternel)
  - ÉPD Nombre de nés 1<sup>er</sup> agnelage
  - ÉPD Taux de survie (maternel)
  - ÉPD Poids naissance (maternel)
  - ÉPD Poids sevrage total agnelages suivants
  - ÉPD Poids sevrage total 1<sup>er</sup> agnelage
- Intervalle agnelage :**
  - ÉPD Intervalle agnelage

Pour terminer, les indices de sélection combinent la valeur génétique d'un nombre de caractères donné, tel que mentionné plus haut. De ce fait, il ne faut pas oublier d'inclure d'autres paramètres pour choisir des animaux reproducteurs, tels que la conformation. Par exemple, même si un bélier détient un très bon indice, il faut tout de même s'assurer que sa conformation répondra aux attentes pour assurer notamment sa longévité dans l'élevage. Aussi, il faut voir que les indices constituent une valeur de référence permettant de faire un premier tri entre les béliers et agnelles ayant un potentiel génétique supérieur et ceux dont le potentiel est inférieur. Ils ne constituent donc pas une fin en soi.

Pour de plus amples informations, un webinar sera présenté à la fin octobre sur les indices et les autres améliorations apportées au programme GenOvis. **Suivez votre bulletin électronique du CEPOQ pour vous inscrire !**





RECHERCHE

# UN GRAND PAS EN AVANT POUR LE **PROGRAMME GENOVIS!**

AMÉLIE ST-PIERRE, TSA, SAISIE DE DONNÉES GENOVIS, CEPOQ

FRÉDÉRIC FORTIN, M. SC, GÉNÉTICIEN DU CEPOQ



*Le 7 novembre dernier, le programme GenOvis tournait une page de son histoire avant de repartir en neuf. Une nouvelle version du programme a été mise en ligne. Le modèle de calcul des ÉPD (Écart Prévu chez les Descendants) a été complètement revu et amélioré avec les dernières connaissances dans le monde de la génétique. De plus, les indices génétiques ont été revisités afin de répondre davantage aux besoins des éleveurs et de les adapter aux nouvelles réalités du marché.*

## Les indices renouvelés : nouveau nom, nouvelle utilité

C'en est fini des ISC, IST, ISM et ISM+. Les indices renouvelés portent maintenant de nouveaux noms bilingues afin de faciliter les échanges partout au Canada. *Comment s'y retrouver ?* À chaque indice son utilité !

### Éleveur qui fait des mesures aux ultrasons

Achat de béliers terminaux pour la production d'agneaux de marché	CARC
Achat de femelles ou de béliers pour augmenter la prolificité de vos femelles	MAT-UHP
Achat de femelles ou de béliers pour améliorer les caractères maternels sans augmenter la prolificité	MAT-U

### Éleveur qui ne fait pas de mesures aux ultrasons

Achat de béliers terminaux pour la production d'agneaux de marché	GAIN
Achat de femelles ou de béliers pour augmenter la prolificité de vos femelles	MAT-HP
Achat de femelles ou de béliers pour améliorer les caractères maternels sans augmenter la prolificité	MAT



## **Des fiches techniques : pour vous aider à vous y retrouver**

Des fiches techniques ont été créées afin de vous aider à déterminer sur quel indice baser vos achats en fonction des besoins de votre entreprise. Ces fiches techniques, présentées dans les pages suivantes sous un format détachable, ainsi que d'autres fiches destinées aux éleveurs, sont disponibles sur notre site Internet [www.genovis.ca](http://www.genovis.ca) sous l'onglet *Outils/Fiches techniques*.

## **Les ÉPD et indices génétiques : un modèle de calcul amélioré**

L'un des grands changements occasionnés par l'arrivée du nouveau programme génétique se situe au niveau des valeurs des indices génétiques. Vous remarquerez que, dorénavant, certains animaux améliorateurs pour la race peuvent avoir des valeurs d'indices négatives, ce qui n'était pas le cas dans le programme précédent. L'autre cas de figure existe également dans le nouveau programme. Il y a des animaux « détériorateurs » qui ont des valeurs d'ÉPD positives ou favorables. Ce n'est pas observable dans toutes les races, mais vous le verrez chez certaines d'entre elles.

**LE RANG CENTILE DEMEURE VOTRE  
MEILLEUR INDICATEUR DU POTENTIEL  
D'UN ANIMAL LORS DE L'ACHAT.**

### **Le rang centile : votre indicateur du potentiel d'un sujet**

*Vous vous demandez si vos repères de rangs centiles sont toujours bons pour l'achat de nouveaux sujets pour votre entreprise ? Eh bien oui, les sujets améliorateurs de la race sont toujours ceux ayant un rang centile égal ou plus grand que 50, qui correspondent aux 50 % supérieurs. De même, les sujets qui se situent dans les 90 % et plus sont les animaux élites de la race.*



De nouvelles listes de sujets améliorateurs et élites seront publiées prochainement sur notre site Internet.

Le nouveau programme GenOvis est plus performant en termes de précision des valeurs génétiques. C'est un outil de sélection amélioré permettant aux éleveurs de sélectionner les animaux répondant davantage aux besoins du marché, et aux acheteurs de choisir les animaux les plus performants pour leur entreprise.

Vous avez des questions sur les indices renouvelés ? N'hésitez pas à nous contacter.

CEPOQ  
Téléphone : 418-856-1200 poste 224  
[www.cepoq.com](http://www.cepoq.com)  
[www.genovis.ca](http://www.genovis.ca)

# JE SUIS ACHETEUR DE BÉLIERS TERMINAUX COMMENT FAIRE DES CHOIX OPTIMAUX?



## MON FOURNISSEUR UTILISE LES MESURES AUX ULTRASONS



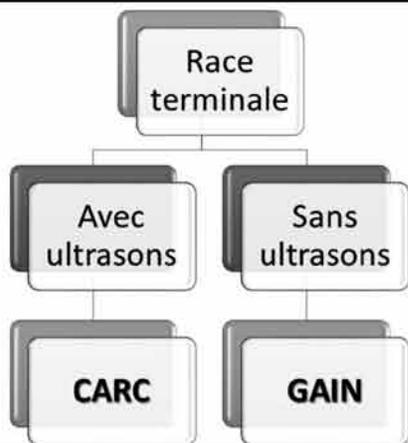
**Je recherche de bons béliers terminaux pour produire de l'agneau de marché. J'aimerais améliorer la croissance de mes agneaux. Quel indice devrais-je utiliser pour sélectionner de bons sujets?**

L'indice **CARCASSE (CARC)** a été conçu pour améliorer la croissance et la qualité bouchère des agneaux. C'est l'indice génétique le plus complet à privilégier pour la sélection de béliers terminaux à utiliser pour produire de l'agneau de marché.

## MON FOURNISSEUR N'UTILISE PAS LES MESURES AUX ULTRASONS

Vous devriez utiliser l'indice **GAIN (GAIN)**. Il a été conçu pour améliorer le taux de croissance des agneaux. Moins complet que l'indice de sélection Carcasse, cet indice génétique vous permettra néanmoins de sélectionner de bons béliers qui amélioreront les performances de croissance de vos agneaux de marché.

**Je recherche de bons béliers terminaux pour produire de l'agneau de marché. J'aimerais améliorer la croissance de mes agneaux. Quel indice devrais-je utiliser pour sélectionner de bons sujets?**



Race paternelle		Race maternelle		Race
GAIN	CARC	MAT	MAT-U	MAT
20.62	28.97	13.99	18.45	7.
96	99	96	97	9

Indice de croissance	Maternel		
	ÉPD	Centile	ÉPD
Taux survie	-0.05	7	0.02
Poids nais.	0.51	90	0.13
Poids 50j	2.05	74	0.57
Gain 50-100j	2.5	94	



# JE VEUX AMÉLIORER LES CARACTÈRES MATERNELS SANS AUGMENTER LA PROLIFICITÉ COMMENT FAIRE DES CHOIX OPTIMAUX?



## MON FOURNISSEUR UTILISE LES MESURES AUX ULTRASONS



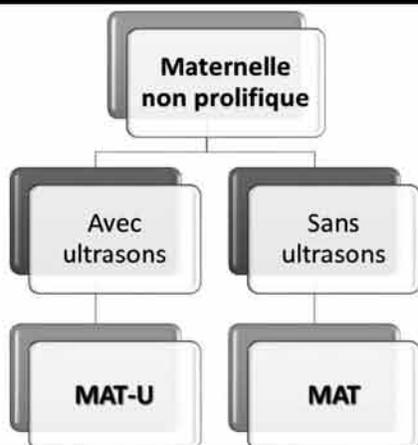
Je suis à la recherche de sujets avec de bonnes qualités maternelles pour renouveler mon troupeau. J'aimerais augmenter le poids au sevrage des agneaux sans mettre trop d'emphase sur la prolificité. Quel indice devrais-je utiliser?

L'indice MATERNEL ULTRASONS (MAT-U) a été conçu pour améliorer principalement les caractères maternels et les qualités bouchères des sujets sans mettre trop d'emphase sur la prolificité. C'est l'indice à privilégier dans votre situation. Vous sélectionnerez des sujets ayant de bons caractères maternels et de bonnes qualités bouchères.

## MON FOURNISSEUR N'UTILISE PAS LES MESURES AUX ULTRASONS

L'indice MATERNEL (MAT) est l'indice génétique tout indiqué pour sélectionner les sujets ayant de bons caractères maternels sans mettre beaucoup d'emphase sur la prolificité.

Je suis à la recherche de sujets avec de bonnes qualités maternelles pour renouveler mon troupeau. J'aimerais augmenter le poids au sevrage des agneaux sans mettre trop d'emphase sur la prolificité. Quel indice devrais-je utiliser?



Race paternelle		Race maternelle		Race maternelle hausse prolificité	
GAIN	CARC	MAT	MAT-U	MAT-HP	MAT-UHP
10.62	28.97	13.99	18.45	7.11	13.03
96	99	96	97	95	97

de croissance		Direct		Maternel		R. centile
ÉPD	Répétab.	ÉPD	Répétab.	ÉPD	Répétab.	
Survie	-0.05	10	10	7	7	49
Naiss.	0.51	90	97	0.13	43	17
50j	2.05	74	98	0.57	41	74
100j	2.5	94	96			
Age	2.01	95	99			



# JE VEUX AUGMENTER LA PROLIFICITÉ DE MON TROUPEAU COMMENT FAIRE DES CHOIX OPTIMAUX?



## L'ÉLEVEUR UTILISE LES MESURES AUX ULTRASONS



**Je recherche de bonnes femelles de remplacement pour mon troupeau. J'aimerais augmenter le nombre d'agneaux nés par agnelage. Quel indice devrais-je regarder?**

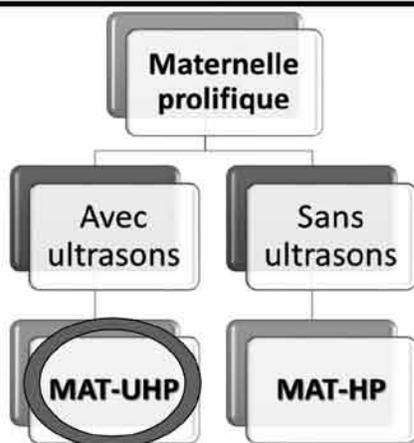
L'indice à privilégier lors de l'achat de sujets maternels prolifiques évalués aux ultrasons sera l'**indice MATERNEL ULTRASONS HAUSSE PROLIFICITÉ (MAT-UHP)**. Il vous permettra de sélectionner les femelles les plus prolifiques et ayant les meilleures qualités bouchères. Les qualités bouchères des agneaux sont transmises à la fois par le père et la mère des agneaux. Cela est vrai pour les races terminales, mais aussi pour les races maternelles, d'où l'intérêt de faire mesurer les races maternelles aux ultrasons également.

Les éleveurs maternels faisant mesurer leurs agneaux aux ultrasons visent à augmenter le potentiel génétique de leurs brebis et de leurs béliers pour une bonne musculature, afin de produire des agneaux ayant une meilleure conformation au niveau de la carcasse.

L'indice à privilégier lors de l'achat de béliers maternels prolifiques évalués aux ultrasons sera l'**indice MATERNEL ULTRASONS HAUSSE PROLIFICITÉ (MAT-UHP)**. Il vous permettra de sélectionner les béliers les plus prolifiques et ayant les meilleures qualités bouchères.

Les qualités bouchères se transmettent facilement d'une génération à l'autre. Il devient par conséquent intéressant d'utiliser des sujets performants sur ces caractères pour transmettre ces caractéristiques à leurs descendants.

**Je recherche de bons béliers pour produire des femelles de remplacement dans mon troupeau. J'aimerais augmenter le nombre d'agneaux nés par agnelage. Quel indice devrais-je regarder?**



MMM AIUK660S

génétiques			
Race maternelle		Race maternelle hausse prolificté	
MAT	MAT-U	MAT-HP	MAT-UHP
13.99	18.45	7.11	13.03
96	97	95	97

Maternel			
R. centile	ÉPD	Répétab.	R. centile
12	0.02	7	49
97	0.13	43	17
98	0.57	41	74
96			
9			



# JE VEUX AUGMENTER LA PROLIFICITÉ DE MON TROUPEAU COMMENT FAIRE DES CHOIX OPTIMAUX?



## L'ÉLEVEUR N'UTILISE PAS LES MESURES AUX ULTRASON



Je recherche de bonnes femelles de remplacement pour mon troupeau. J'aimerais augmenter le nombre d'agneaux nés par agnelage. Quel indice devrais-je regarder?

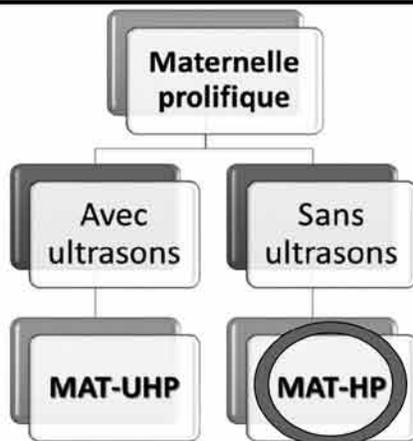
L'indice MATERNEL HAUSSE PROLIFICITÉ (MAT-HP) sera l'indice génétique à privilégier pour l'achat de femelles de remplacement prolifiques.

Cet indice permet de sélectionner les femelles les plus prolifiques tout en ayant de bons caractères maternels.

L'indice MATERNEL HAUSSE PROLIFICITÉ (MAT-HP) sera l'indice génétique à privilégier pour l'achat de béliers prolifiques.

Cet indice vous permettra de sélectionner des béliers qui augmenteront le nombre d'agneaux nés par portée de leurs filles, que vous utiliserez comme femelles de remplacement.

Je recherche de bons béliers pour produire des femelles de remplacement dans mon troupeau. J'aimerais augmenter le nombre d'agneaux nés par agnelage. Quel indice devrais-je regarder?



### Indices génétiques

RC	Race maternelle		Race maternelle hausse prolific	
	MAT	MAT-U	MAT-HP	MAT-UHP
97	13.99	18.45	7.11	11.03
	96	97	95	97

Direct			Maternel	
Répétab.	R. centile	ÉPD	Répétab.	centile
10	12	0.02	7	49
90	97	0.13	7	17
74	98	0.57	7	74
4	96		7	



# JE SUIS HYBRIDEUR (F1)

## FEMELLES MATERNELLES PROLIQUES X BÉLIERS MATERNELS NON PROLIQUES



### L'ÉLEVEUR UTILISE LES MESURES AUX ULTRASONS



**Je recherche de bonnes femelles prolifiques de remplacement pour renouveler mon troupeau. Quel indice devrais-je utiliser?**

L'indice **MATERNEL ULTRASONS HAUSSE PROLIFICITÉ (MAT-UHP)** a été créé pour améliorer à la fois les caractères maternels et la prolificité ainsi que les qualités bouchères. Ce serait l'indice à privilégier pour l'achat de vos femelles de remplacement. Vous sélectionnez les femelles les plus prolifiques qui amélioreront les qualités bouchères de vos agneaux.

L'indice **MATERNEL ULTRASONS (MAT-U)** a été créé pour améliorer à la fois les caractères maternels et les qualités bouchères. Ce serait l'indice à privilégier pour l'achat de béliers à la fois performants sur les caractères maternels et les qualités bouchères.

**Je cherche de bons béliers maternels pour produire mes F1. Quel indice devrais-je utiliser?**



**Quel indice devrais-je utiliser pour sélectionner mes agnelles?**

L'indice **MATERNEL ULTRASONS HAUSSE PROLIFICITÉ (MAT-UHP)** est le meilleur indice à utiliser pour sélectionner les agnelles. Cet indice vous permet de choisir des F1 plus prolifiques qui transmettront également à leurs agneaux de bons caractères de carcasse.

### IMPORTANT

Les animaux F1 proviennent du croisement entre une race **maternelle prolifique** avec une race **maternelle non prolifique** et vice versa.

Les brebis peuvent donc être de race maternelle prolifique ou de race maternelle non prolifique, tandis que les béliers seront l'opposé.

SU1		MMP AIUK317T			
MM AIUK630U		MMM AIUK650U			
<b>Indices génétiques</b>					
Race	Race maternelle			Race maternelle hausse prolificité	
	CARC	MAT	MAT-U	MAT-HP	MAT-UHP
28.97	13.99	18.45	11	13.03	
99	96	97	95	97	
Direct			Maternel		
Répétab.	R. centile		Répétab.	R. centile	
10	12	0.02	7	49	
90	97	0.13	43	17	
74		0.57	41	74	
94					

# JE SUIS HYBRIDEUR (F1)

## FEMELLES MATERNELLES PROLIQUES X BÉLIERS MATERNELS NON PROLIQUES



L'ÉLEVEUR N'UTILISE PAS LES MESURES AUX ULTRasons



**Je recherche de bonnes femelles prolifiques de remplacement pour renouveler mon troupeau. Quel indice devrais-je utiliser?**

L'indice **MATERNEL HAUSSE PROLIFICITÉ (MAT-HP)** sera l'indice génétique à privilégier pour l'achat de femelles de remplacement prolifiques. Cet indice permet de sélectionner les femelles les plus prolifiques tout en ayant de bons caractères maternels.

L'indice **MATERNEL (MAT)** est tout indiqué pour votre situation. Cet indice génétique permet d'améliorer la production laitière des femelles et la croissance des agneaux pour obtenir des agneaux plus pesants au sevrage. Ces béliers complèteront bien vos brebis prolifiques pour les caractères maternels en créant des agnelles F1 à la fois prolifiques et bonnes laitières.

**Je cherche de bons béliers maternels pour produire mes F1. Quel indice devrais-je utiliser?**



**Quel indice devrais-je utiliser pour sélectionner mes agnelles F1?**

L'indice **MATERNEL HAUSSE PROLIFICITÉ (MAT-HP)** est le meilleur indice à utiliser pour sélectionner les agnelles F1. Cet indice vous permettra de sélectionner les agnelles plus prolifiques afin d'améliorer la prolificité de votre troupeau.

### IMPORTANT

Les animaux F1 proviennent du croisement entre une **race maternelle prolifique** avec une **race maternelle non prolifique** et vice versa.

Les brebis peuvent donc être de race maternelle prolifique ou de race maternelle non prolifique, tandis que les béliers seront l'opposé.

Race maternelle		Race maternelle hausse prolificité		
CARC	MAT	MAT-U	MAT-HP	MAT-UHP
28.97	13.99	18.45	7.11	1.03
99	96	97	95	97

Race		Maternel	
ÉPD	R. centile	ÉPD	Répétition centile
95	12	0.02	49
90	97	0.13	17
74	98	0.57	74
94	96		
95	99		



# JE SUIS HYBRIDEUR (F1)

## FEMELLES MATERNELLES NON PROLIFIQUES X BÉLIERS MATERNELS PROLIFIQUES



### L'ÉLEVEUR UTILISE LES MESURES AUX ULTRASONS



Je recherche des femelles ayant de bonnes aptitudes maternelles pour renouveler mon troupeau. Quel indice devrais-je utiliser?

L'indice MATERNEL ULTRASONS (MAT-U) a été créé pour améliorer à la fois les caractères maternels et les qualités bouchères. Ce serait l'indice à privilégier pour l'achat de femelles à la fois performantes sur les caractères maternels et les qualités bouchères.

L'indice MATERNEL ULTRASONS HAUSSE PROLIFICITÉ (MAT-UHP) a été créé pour améliorer à la fois les caractères maternels et la prolificité ainsi que les qualités bouchères. Ce serait l'indice à privilégier pour l'achat de béliers de remplacement. Vous sélectionnez les béliers les plus prolifiques qui amélioreront à la fois le nombre d'agneaux nés de leurs filles et les qualités bouchères de vos agneaux.

Je cherche de bons béliers maternels prolifiques pour produire mes F1. Quel indice devrais-je utiliser?



Quel indice devrais-je utiliser pour sélectionner mes agnelles F1?

L'indice MATERNEL ULTRASONS HAUSSE PROLIFICITÉ (MAT-UHP) est le meilleur indice à utiliser pour sélectionner les agnelles F1. Cet indice vous permet de choisir des F1 plus prolifiques qui transmettront également à leurs agneaux de bons caractères de carcasse.

### IMPORTANT

Les animaux F1 proviennent du croisement entre une **race maternelle prolifique** avec une **race maternelle non prolifique** et vice versa

Les brebis peuvent donc être de race maternelle prolifique ou de race maternelle non prolifique, tandis que les béliers seront l'opposé.

SU1		MMP AIUK317T		
MM AIUK630U		MMM AIUK630U		
<b>Indices génétiques</b>				
Indice	Race maternelle		Race maternelle hausse prolificité	
CARC	MAT	MAT-U	MAT-UHP	MAT-UHP
28.97	13.99	18.45	11	13.03
99	96	97	95	97
Direct		Maternel		
Répétab.	R. centile	Répétab.	R. centile	
10	12	7	49	
90	97	43	17	
74	0.13	41	74	
94	0.57			



# JE SUIS HYBRIDEUR (F1)

## FEMELLES MATERNELLES NON PROLIFIQUES X BÉLIERS MATERNELS PROLIFIQUES



L'ÉLEVEUR N'UTILISE PAS LES MESURES AUX ULTRASONS



Je recherche des femelles ayant de bonnes aptitudes maternelles pour renouveler mon troupeau.  
Quel indice devrais-je utiliser?

L'indice MATERNEL (MAT) est tout indiqué pour votre situation. Cet indice génétique permet de sélectionner les femelles ayant une bonne production laitière et produisant des agneaux plus pesants au sevrage. Ces femelles transmettront leurs bons caractères maternels à leurs filles.

L'indice MATERNEL HAUSSE PROLIFICITÉ (MAT-HP) sera l'indice génétique à privilégier pour l'achat de béliers prolifiques. Cet indice permet de sélectionner les béliers les plus prolifiques qui amélioreront la prolifécité et les caractères maternels de leurs filles.

Je cherche de bons béliers maternels prolifiques pour produire mes F1.  
Quel indice devrais-je utiliser?



Quel indice devrais-je utiliser pour sélectionner mes agnelles F1?

L'indice MATERNEL HAUSSE PROLIFICITÉ (MAT-HP) est le meilleur indice à utiliser pour sélectionner les agnelles F1. Cet indice vous permet de choisir des F1 plus prolifiques qui transmettront également à leurs agneaux de bons caractères maternels.

### IMPORTANT

Les animaux F1 proviennent du croisement entre une **race maternelle prolifique** avec une **race maternelle non prolifique** et vice versa.

Les brebis peuvent donc être de race maternelle prolifique ou de race maternelle non prolifique, tandis que les béliers seront l'opposé.

Indices génétiques		Race maternelle		Race maternelle hausse prolifécité	
Femelle	CARC	MAT	MAT-U	MAT-HP	MAT-UHP
	28.97	13.99	18.45	7.11	11.03
	99	96	97	95	97

Race		Maternel	
ÉPD	R. centile	ÉPD	Répétabilité
0.05	12	0.02	49
0.90	97	0.13	17
0.74	98	0.57	74
0.94	96		
0.95	99		





# L'Option



AUTOMNE 2016

## SOMMAIRE :

- Arrivée imminente du nouveau programme

Quels sont les nouveaux ÉPD utilisés dans les indices renouvelés?

Qu'apporteront de plus les indices génétiques renouvelés aux utilisateurs?

## DANS CE NUMÉRO :

Nouveau programme GenOvis —bientôt en ligne! 1

Trois nouveaux ÉPD pour améliorer le programme GenOvis 1

Des indices de sélection renouvelés : quoi de plus pour les utilisateurs? 2

Webinaire GenOvis 3

Calcul des évaluations génétiques au 4 novembre 3

Section Nouveautés GenOvis 3

## Nouveau programme GenOvis—bientôt en ligne!

La transition vers le nouveau programme GenOvis sera effectuée le vendredi 4 novembre prochain. L'interface Web du programme restera la même. Seules les valeurs d'ÉPD et des indices renouvelés seront différentes dans le programme. Les principaux changements apportés au programme sont en lien avec le calcul des évaluations génétiques. Les différents rapports resteront sensiblement les mêmes.

4 novembre 2016

## Trois nouveaux ÉPD pour améliorer le programme GenOvis!

Avec l'arrivée du nouveau programme GenOvis, trois nouveaux ÉPD remplaceront trois ÉPD actuellement utilisés. Intégrés aux indices de sélection améliorés, ces trois nouveaux caractères d'intérêt économique donneront un bon coup de pouce pour identifier les sujets les plus rentables.

### ÉPD Gain 50-100j

Dans l'ancien programme, l'ÉPD Poids 100 jours direct était publié dans les rapports et utilisé à l'intérieur de tous les indices de sélection génétique. Il se voulait le reflet de la croissance des agneaux jusqu'au poids de mise en marché. Cet ÉPD était, en fait, une combinaison de l'ÉPD Poids à 50 jours direct et de l'ÉPD Gain 50-100 jours direct. Dans le programme amélioré, l'ÉPD Gain 50-100 jours direct remplacera l'ÉPD Poids à 100 jours direct. Cela permettra d'avoir des ÉPD qui couvriront deux périodes distinctes : soit de la naissance au sevrage (ÉPD Poids

à 50 jours direct) et du sevrage à 100 jours (ÉPD Gain 50-100 jours direct). L'ancien ÉPD poids à 100 jours direct était largement influencé par l'ÉPD poids à 50 jours direct puisque cet ÉPD était utilisé dans son calcul. Il était alors difficile de faire la distinction entre la croissance 0-50 jours et 50-100 jours. L'ÉPD gain 50 à 100 jours étant moins lié à l'ÉPD poids à 50 jours comparativement à l'ÉPD poids à 100 jours, l'éleveur obtiendra plus d'information sur le potentiel génétique de ses sujets.

### ÉPD Poids au sevrage total

(ÉPD Poids sevrés totaux 1<sup>er</sup> agnelage (PST 1<sup>er</sup>) et ÉPD Poids sevrés totaux agnelages suivants (PST suivants))

Dans l'ancien programme, l'ÉPD nombre sevrés considérait uniquement le nombre d'agneaux de la mère au sevrage. Dans le programme amélioré, l'ÉPD Poids sevrés totaux ne considère pas uniquement le nombre d'agneaux

sevrés mais aussi le poids des agneaux. Ainsi, le poids total des agneaux sevrés par la mère est considéré dans le calcul de cette valeur génétique. Cette amélioration est d'autant plus pertinente que certaines races semblent avoir atteint un optimum au niveau du nombre d'agneaux sevrés. L'amélioration génétique de ces races s'effectuera donc par une augmentation du poids des agneaux ou du poids total de la portée au sevrage.

Si nous ne considérons pas le poids des agneaux, nous n'aurions pas la contribution de la mère au poids des agneaux au sevrage dans le modèle reproduction. Cette contribution de la mère au poids des agneaux au sevrage se retrouve également dans l'ÉPD Poids 50 jours maternel dans le modèle production.

L'ÉPD PST 1<sup>er</sup> agnelage remplacera donc l'ÉPD sevrés 1<sup>er</sup> agnelage et l'ÉPD PST suivants remplacera l'ÉPD sevrés suivants.

## Des indices de sélection renouvelés : quoi de plus pour les utilisateurs?



Tout programme génétique se doit de réviser ses indices de sélection génétique afin de s'assurer que la sélection effectuée correspond bien aux besoins du marché, qui lui, est toujours en évolution. Les objectifs de sélection peuvent changer dans le temps et le progrès génétique au sein de certaines races entraîne de nouveaux besoins de sélection. Voilà pourquoi les indices génétiques ont été retravaillés afin d'offrir aux utilisateurs de nouveaux outils de sélection répondant davantage à la réalité ovine d'aujourd'hui.

### De l'ISC vers l'indice Gain (GAIN)

L'indice **GAIN** ressemble beaucoup à l'ISC, mais il inclut aussi un caractère additionnel, la survie agneau direct.

### De l'IST vers l'indice Carcasse (CARC)

L'indice **CARCASSE** met davantage d'emphase sur les caractères de qualité de carcasse que l'IST. Il vise à améliorer plus rapidement l'augmentation de l'épaisseur de la longe, tout en minimisant le dépôt de gras.

Dans l'indice Carcasse, 17,5 % sont attribués à l'épaisseur de la longe contre 12 % dans l'IST. Au niveau du gras, nous sommes passés de 9 % dans l'IST vers 17,5 % dans l'indice CARC. Bref, le nouvel indice met près de deux fois plus d'emphase sur ces caractères que l'IST.

Finalement, le caractère survie agneau direct a aussi été ajouté à cet indice.

#### GAIN :

- ajout de la survie agneau dir

#### CARC:

- près de 2X plus d'emphase sur le gras et sur le muscle
- ajout de la survie agneaux dir

### De l'ISM vers l'indice Maternel (MAT) et l'indice Maternel hausse prolificité (MAT-HP)

Au niveau de l'indice maternel, des besoins différents étaient exprimés par les éleveurs de deux catégories de races. Les races maternelles non prolifiques ont des animaux performants sur la croissance et la production laitière de leurs brebis, mais devraient continuer d'augmenter leur prolificité. D'autre part, les races maternelles prolifiques ne veulent plus augmenter leur prolificité, mais veulent améliorer le poids au sevrage de leurs agneaux en augmentant leur croissance et la production laitière de leurs brebis.

Pour répondre aux besoins exprimés par ces deux catégories d'éleveurs, deux indices de sélection maternels remplaceront l'ISM.

L'indice **MATERNEL (MAT)** a été conçu pour les races maternelles prolifiques. Cet indice met davantage d'emphase sur le poids 50 mat, le poids naissance mat, et la survie agneau mat. Par conséquent, l'emphase sur le nombre nés et le nombre sevrés agnelages suivants (remplacé par PST suivants) a été diminué. Cet indice vise à améliorer les caractères de reproduction en mettant une faible emphase sur le nombre nés.

L'indice **MATERNEL HAUSSE PROLIFICITÉ (MAT-HP)** a été créé pour les races maternelles non prolifiques. Cet indice met plus d'emphase sur le nombre nés tout comme l'ISM. Cet indice ressemble davantage à l'ISM, mais il inclut les caractères suivants : survie agneaux maternel et direct, nombre nés 1<sup>er</sup> agnelage, poids sevrés totaux 1<sup>er</sup> agnelage et agnelages suivants (en remplacement des nombres sevrés 1<sup>er</sup> agnelage et suivants) et l'intervalle d'agnelage. Ces nouveaux caractères sont aussi présents dans l'indice Maternel (MAT).

#### MAT:

- plus d'emphase sur :  
50 mat  
Poids naissance mat  
Survie mat
- moins d'emphase sur:  
Nombre nés  
Nombre sevrés (maintenant PST suivants)
- ajout de :  
Survie agneau mat et dir  
Nombre nés 1<sup>er</sup> agnelage  
Poids sevrés totaux 1<sup>er</sup> agnelage et suivants  
Intervalle d'agnelage

#### MAT-HP:

- plus d'emphase sur nombre nés que MAT
- ajout de :  
Survie agneau mat et dir  
Nombre nés 1<sup>er</sup> agnelage  
Poids sevrés totaux 1<sup>er</sup> agnelage et suivants  
Intervalle d'agnelage

## De l'ISM+ vers l'indice Maternel ultrasons (MAT-U) et l'indice Maternel ultrasons hausse prolificité (MAT-UHP)

Tout comme pour l'ISM, deux nouveaux indices maternels remplaceront l'ISM+. L'un sera pour les races prolifiques voulant améliorer les caractères de reproduction en mettant une faible emphase sur la prolificité tout en considérant les qualités bouchères. Ces éleveurs utiliseront l'**indice MATERNEL ULTRASONS (MAT-U)**. Les autres voulant améliorer la prolificité de leurs brebis tout en améliorant la qualité bouchère de leurs agneaux opteront pour l'**indice MATERNEL ULTRASONS HAUSSE PROLIFICITÉ (MAT-UHP)**.

Vous constaterez que les indices génétiques renouvelés sont les évolutions logiques des indices de sélection actuellement utilisés. Ils incluent également plus de caractères. Les besoins ont changé depuis le développement des indices actuellement utilisés dus à l'évolution du marché et au progrès génétique réalisé à l'intérieur des races. Les indices renouvelés basés sur les connaissances les plus avancées en évaluation génétique permettront de sélectionner les animaux selon des besoins plus spécifiques. Ils ont été développés pour optimiser les bénéfices provenant de la sélection d'animaux répondant davantage aux besoins des éleveurs, des producteurs commerciaux et du marché de l'agneau actuel.

MAT-U:

MAT + données aux ultrasons

MAT-UHP:

MAT-HP + données aux ultrasons

Découvrez nos  
capsules vidéo  
traitant de sujets  
diversifiés en vous  
rendant sur nos  
sites Internet  
[www.genovis.ca](http://www.genovis.ca)  
et  
[www.cepoq.com](http://www.cepoq.com)

Capsules Vidéo



Plusieurs vidéos  
expliquent  
comment utiliser  
le programme en  
ligne.

## Webinaire GenOvis

N'oubliez pas de vous inscrire au webinaire GenOvis sur les changements au programme GenOvis, le **jeudi 10 novembre 2016 de 10 h à 11 h 30.**

*Avisez-nous si vous aimeriez y assister, mais que vous n'êtes pas disponible le 10 novembre.*

### Changement au niveau du calcul des évaluations génétiques

À partir du 4 novembre, le calcul national débutera à 22h00 le vendredi soir, tout comme actuellement, mais se terminera plus tard. Les nouvelles évaluations génétiques seront disponibles à partir **de 7h00 le dimanche matin.**

Tenez-vous informés des nouveautés au programme GenOvis en consultant régulièrement la section spécialement créée à cet effet sur notre site Internet. Cliquez sur le lien rapide suivant:

*Nouveautés GenOvis*

### Pour nous rejoindre :

✉ CEPOQ, 1642, rue de la Ferme  
Ste-Anne-de-la-Pocatière (Qc) G0R 1Z0  
☎ 418 856-1200, poste 224  
@ : [genovis@cepoq.com](mailto:genovis@cepoq.com)  
🌐 : [www.genovis.ca](http://www.genovis.ca)  
🔗 : <http://quartet.aps.uoguelph.ca/csges/>



### Rédacteurs:

Amélie St-Pierre, tsa  
Responsable de la saisie GenOvis  
Frédéric Fortin, M. Sc.  
Généticien pour le CEPOQ



# L'Option



AUTOMNE 2017

## SOMMAIRE :

- Ça bouge en génétique cet automne!

Plusieurs opportunités d'améliorer vos connaissances en génétique vous seront proposées cet automne. Restez à l'affût!

Comment utiliser efficacement le module d'accouplements optimal.

## DANS CE NUMÉRO :

- |  |   |
|--|---|
| Événements à venir cet automne en génétique          | 1 |
| Découvrez le module d'accouplements optimal          | 2 |
| Procédure à suivre et 5 possibilités du type optimal | 2 |
| Des notions pour optimiser votre progrès génétique   | 3 |
| La mise à jour des inventaires                       | 3 |

## La génétique à l'avant plan cet automne



L'automne sera l'occasion idéale de parfaire vos connaissances en génétique avec la présentation de divers événements dédiés à la génétique ovine offerts par le CEPOQ et ses différents partenaires. Vous trouverez ci-dessous un résumé de ces événements à venir. Pour plus d'information, nous vous invitons à vous référer aux documents promotionnels officiels annexés à L'Option GenOvis.

### Formations spécialisées (offertes par la SEMRPQ en collaboration avec le CEPOQ)

**Formateurs:** Frédéric Fortin, agr., M.Sc - Généticien CEPOQ et  
Johanne Cameron, agr., M.Sc., - Chargée de projet R&D CEPOQ

**Décembre 2017**

Rencontres par groupe de race s'adressant aux éleveurs ou futurs éleveurs de race pure. Les hybrideurs sont également les bienvenus. Formation spécialisée de niveau avancé présentant des notions et outils permettant l'amélioration génétique des races. Les participants repartiront avec un rapport personnalisé pour leur troupeau.

**Vise également les échanges entre les éleveurs afin d'établir un plan de développement pour l'amélioration de la race.**

### Tournée génétique et conformation (offerte par la SEMRPQ en collaboration avec le CEPOQ)

**Formateurs:** Frédéric Fortin, agr., M.Sc - Généticien CEPOQ et  
Johanne Cameron, agr., M.Sc., - Chargée de projet R&D CEPOQ

**Janvier 2018**

Cette tournée s'adresse aux futurs éleveurs, éleveurs de race pure, producteurs commerciaux, étudiants et intervenants du secteur ovin. Il s'agit d'une belle occasion de perfectionner et de mettre à jour vos connaissances en sélection génétique. Vous ne verrez plus la sélection de la même façon et serez mieux outillé pour votre sélection. Guide conformation/génétique offert gratuitement.

### Webinaire saisie et importation de données (offert par le CEPOQ)

**Formatrice:** Cathy Thériault-Landry, TPA - Responsable de la saisie  
GenOvis CEPOQ

**Février 2018**

S'adresse principalement aux utilisateurs du programme GenOvis. Cette formation interactive est disponible en ligne dans le confort de votre foyer. Comprend une démonstration des procédures permettant la saisie manuelle et l'importation de données directement dans le programme d'évaluation génétique GenOvis.

**Vise à optimiser l'autonomie des utilisateurs du programme GenOvis et leur permettre d'éviter des frais d'utilisation du service de saisie en place depuis 2016.**

Le CEPOQ tient à remercier le Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec pour le financement accordé dans le cadre du Programme de développement sectoriel au volet 4. Ce financement a permis d'analyser les nouveaux indices avant leur implantation, de mettre en place tous les outils permettant une meilleure transition entre les deux programmes génétiques, d'accompagner les utilisateurs les plus touchés par les changements apportés et d'offrir un webinaire aux utilisateurs sur les nouveaux indices lors de la mise en place de ceux-ci.

## Mieux connaître le module d'accouplements optimal pour bien l'utiliser



Le module d'accouplements du programme GenOvis propose deux types de résultat, soit le type de base et le type optimal. Le type de base offre à l'utilisateur un fichier simplifié contenant la prédiction du potentiel génétique (valeur et rang centile) des deux caractères choisis et le coefficient de consanguinité de la progéniture (si la case est cochée) pour les femelles et les mâles sélectionnés. Le type optimal permet à l'utilisateur de déterminer l'emphase qu'il souhaite mettre pour les différents caractères sélectionnés. De plus, dans les fichiers créés par le type optimal, le programme indique par un astérisque (\*) les meilleurs choix d'accouplements selon les caractères sélectionnés et l'emphase souhaité pour chacun. **Mais ATTENTION, le type optimal ne remplace en aucun cas le bon jugement d'un sélectionneur et certaines notions essentielles au progrès génétique doivent être considérées!**

### Procédure pour le type optimal :

- Se connecter au programme **GenOvis en ligne**
- Sélectionner l'onglet **Accoup.**
- Choisir les **brebis** et les **béliers** à soumettre au module d'accouplements
- Inscrire le **Nom de la requête**
- Sélectionner les **Caractères 1 et 2** à l'aide des menus déroulants
- Choisir le **Type Optimal** désiré selon l'emphase que vous souhaitez accorder à chaque caractère
- Inscrire le **nombre de brebis (Max brebis)** à attribuer par bélier (**OBLIGATOIRE**)
- Cocher la case **Calculer consanguinité** si vous désirez obtenir le coefficient de consanguinité de la progéniture de vos accouplements
- Cocher la case **Utiliser ATQ** si vous désirez que l'ATQ soit utilisé comme identifiant dans les fichiers
- Cliquer sur **Soumettre**
- Après quelques instants, cliquer sur **Rafraîchir** et répéter jusqu'à ce que la date et l'heure de la Fin requête apparaissent dans le tableau de droite
- Cliquer sur la requête dans le tableau puis sur **Accéder**
- Un fichier zippé contenant 4 fichiers CSV apparaîtra à l'écran
- Les deux derniers fichiers CSV contiennent les propositions d'accouplements pour chacun caractère sélectionné
- Ouvrir les fichiers CSV pour consulter les résultats

### Définition des 5 types optimaux disponibles:

**Optimal 11 :** Met autant d'emphase sur le caractère sélectionné que sur la consanguinité

**Optimal 01 :** Met seulement l'emphase sur la consanguinité

**Optimal 10 :** Met seulement l'emphase sur le caractère sélectionné

**Optimal 12 :** Met deux fois plus d'emphase sur la consanguinité que le caractère sélectionné

**Optimal 21 :** Met deux fois plus d'emphase sur le caractère sélectionné que la consanguinité

## Des accouplements raisonnés pour un progrès génétique optimal

La planification des accouplements est une étape cruciale pour l'amélioration génétique de votre troupeau. Le module d'accouplements de type optimal est un outil pouvant aider les éleveurs lors de la planification de leurs accouplements. Cependant, l'éleveur ne doit pas se fier uniquement aux accouplements proposés par le programme, puisque celui-ci ne prend pas en considération plusieurs notions indispensables au progrès génétique. Voici donc un petit rappel des notions à considérer pour optimiser le progrès génétique de votre élevage lors de la planification raisonnée des accouplements:

- Viser un coefficient de consanguinité inférieur à 6,25%
- Augmenter la diversité génétique en :
  - ◇ Utilisant des béliers provenant de différents pères
  - ◇ Répartissant les meilleurs brebis du troupeau avec différents béliers
  - ◇ Faisant le même nombre d'accouplements pour chaque bélier *afin de favoriser la sélection de jeunes béliers qui proviennent de pères différents*
  - ◇ Faisant des échanges génétiques entre les troupeaux (création de liens entre le troupeau)
- Améliorer la précision des valeurs génétiques en:
  - ◇ Utilisant un minimum de 3 béliers par groupe de brebis (groupe contemporain)
  - ◇ Favorisant l'utilisation de plusieurs béliers (permet de préciser les valeurs génétiques sur les performances des descendants et de favoriser l'utilisation de béliers fils)
  - ◇ Faisant des échanges génétiques entre les troupeaux (améliore la connexion entre les troupeaux)
- Diminuer l'intervalle de génération (l'âge moyen des parents à l'agnelage) en :
  - ◇ Priorisant l'utilisation de jeunes béliers (viser des béliers d'un an ou moins à l'accouplement)
  - ◇ Visant un âge moyen des brebis à l'agnelage de 3 ans
- Cibler les forces et faiblesses du troupeau
- Prioriser la sélection basée sur les indices de sélection et éviter d'utiliser qu'un seul ÉPD
- Portez une attention particulière à la conformation afin d'optimiser la longévité de vos sujets.

Découvrez nos capsules vidéo traitant de sujets diversifiés en vous rendant sur nos sites Internet [www.genovis.ca](http://www.genovis.ca) et [www.cepoq.com](http://www.cepoq.com)

### Capsules Vidéo



Plusieurs vidéos expliquent comment utiliser le programme en ligne.

## Mise à jour des inventaires

Nous vous rappelons qu'il est important de mettre à jour régulièrement votre inventaire de troupeau. Un inventaire à jour permet une meilleure précision des données.

### Pour nous rejoindre :

✉ CEPOQ, 1642, rue de la Ferme  
Ste-Anne-de-la-Pocatière (Qc) G0R 1Z0  
☎ 418 856-1200, poste 224  
@ : [genovis@cepoq.com](mailto:genovis@cepoq.com)  
🌐 : [www.genovis.ca](http://www.genovis.ca)  
🌐 : <http://quartet.aps.uoguelph.ca/csges/>



### Rédacteurs:

Cathy Thériault-Landry, TPA  
Responsable de la saisie GenOvis-Québec  
Amélie St-Pierre, TSA  
Responsable de la saisie GenOvis-Hors Québec  
Frédéric Fortin, M. Sc.  
Généticien pour le CEPOQ



Mélanie Larochelle, agr. M.Sc., genetic consultant, CEPOQ  
Cathy Thériault-Landry, TPA, GenOvis data collection, CEPOQ

## 2016, A Year of Improvement For GenOvis, Canada's Genetic Evaluation Program



*Since it was first created, the Canadian genetic on-farm evaluation program for sheep has been adaptable. Over the years it has adapted to the changing needs of the Canadian sheep industry. Its ability to adapt has allowed it to integrate loin-eye depth (2005) and backfat thickness measurements into its genetic evaluations. In 2011, it also met the challenge of computerization by developing an online platform for use over the Internet.*



The Canadian sheep industry has undergone significant transformation since the early 2000s. Profitable businesses, high-quality carcasses, flock biosecurity and several other elements are now at the core of management in the sheep barn. Inevitably, these factors influence the objectives in the selection of breeding animals. In addition, since its inception, the GenOvis database has continued to evolve and improve allowing for an optimized genetic evaluation model. The overall goal is to further improve the response to selection.

All genetic evaluation programs need to constantly evolve to ensure that the selection criteria actually correspond to market needs. For example, new traits are added, the size of the population changes, and correlations between traits change depending on the selections made in the past, and so on. It is therefore essential to make the necessary adjustments to achieve market goals. Given the significant changes in the sheep sector in recent years, the revision of GenOvis was inevitable. A team composed of renowned geneticists, programmers and stakeholders in the Canadian sheep

industry carried out this important work. Analyses were used to target and prioritize changes that will improve the program and make it better adapted to current industry needs.

This article aims to highlight the main improvements that GenOvis will undergo before the new version is introduced in 2016 and it will describe the benefits that the improvements will have on the genetic evaluations of individual animals.

### Lawrence R. Schaeffer



World-renowned geneticist, Dr. Schaeffer is the founding father of genetic evaluation programs used in dairy cattle. Passionate about genetics, Dr. Schaeffer inspired students for many years as a professor of

genetics at the University of Guelph. Now retired, Dr. Schaeffer is still involved in many projects, including using genomics to increase disease resistance in Atlantic salmon. For several years, he has also been responsible for the development of genetic evaluations for dairy and meat sheep (GenOvis).

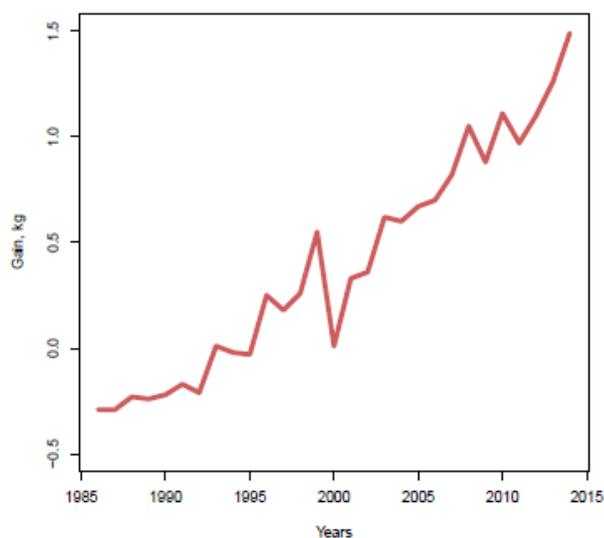
## Updating the genetic base

**Description of the improvement:** Each EPD measures the superior or inferior genetic quality of an animal compared to a reference group of animals, called a genetic base. The EPD mean of the reference population is equal to 0. Since its inception, GenOvis has used a fixed base from the year 2000. This means that the EPDs (survival rates, birth weight, weight at 50 days, gain 50 to 100 days, thickness loin eye and fat) represent the average performance of lambs born in 2000. For the reproduction EPDs (age at 1<sup>st</sup> lambing, number born at 1<sup>st</sup> and following lambing, weaning at 1<sup>st</sup> and following lambing and lambing interval), the genetic base is the average performance of the sheep that gave birth in 2000. This means that the value 0, which is the same as animals at the 50<sup>th</sup> percentile, corresponds to the average performance of lambs born in 2000 or sheep that gave birth in 2000. The use of a fixed base is advantageous because it easily shows progress or regression of genetic values (EPDs) over time for a breed or a defined group. The fixed base is secure and can be re-evaluated when the genetic progress has reached a certain level. With genetic progress observed since 2000, an update was necessary. The new version of GenOvis uses the average performance of lambs or sheep that gave birth in 2010 (rather than 2000). In the future, a more regular update of the genetic base could be carried out if the genetic progress among Canadian sheep is enhanced.

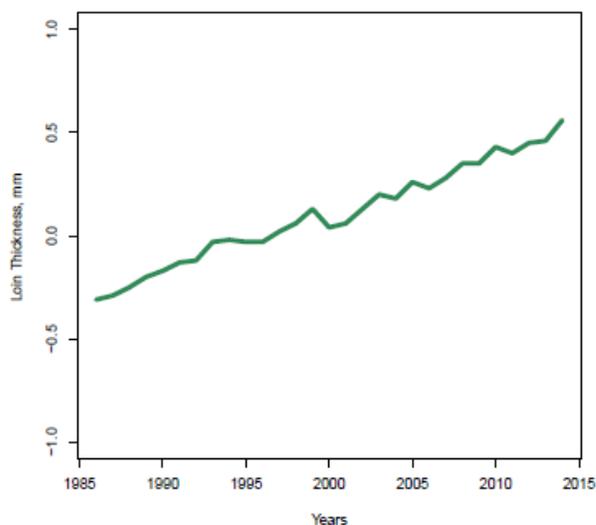
The two figures present the genetic improvement of 50 to 100 day gain and loin-eye depth from 1985 to 2015 for animals involved in GenOvis. For these traits, the data show an improvement in performance between 2000 and 2010.

**Advantages:** Using a fixed base determined from the average of lambs and ewes that gave birth in 2010 will better position an animal within its population, since the goal is to have about 50 % of current living animals below 0 and 50 % above 0. When the base is outdated and there is a lot of genetic progress, it becomes difficult to identify animals that fall below average performance. Thus, the updated fixed base will be more representative of the actual position of the animal relative to the average of animals in recent years. For example: take the case of the positive genetic improvement observed in loin-eye thickness between 2000 and 2010. In this case, an animal having an EPD of 0 in the current system (fixed base year 2000) will have an EPD of less than 0 with the new genetic base (fixed base year 2010). This result is more realistic, because this animal is inferior when compared to animals selected in 2010, while it was equal to the average of the animals selected in 2000.

Genetic Change in Gain



Genetic Change in Loin Thickness



## Revision of heritability and correlations

**Description of the improvement:** When the calculation model was initially developed for GenOvis, the database was much smaller than today. At that time, geneticists estimated heritability and correlations using data for only four breeds. Today, geneticists have the advantage of a more comprehensive database. Following the analysis, Dr. Schaeffer recommended that several changes to heritability and correlations be made for use in the new Canadian sheep model. In a population subject to selection, it is important to revise the heritability and correlations for different traits approximately every 5 to 10 generations, because they evolve and change with ongoing genetic improvement.

**Heritability** is the level of genetic transmission of a trait.  
High → Quality carcass  
Mid → Growth  
Low → Prolificacy

**Advantages:** The changes that will be made to the heritabilities and correlations of the current program will increase the reliability of the genetic evaluations produced by GenOvis. The new values will better reflect the actual interaction between the individual traits, as well as the anticipated level of inheritance. The new values are similar to those used in other livestock industries.

**Correlation** measures the links between the traits evaluated. The higher the correlation between two traits, the higher the chance that they will be influenced by each other.

## Best estimate of the birth weight of animals not weighed

**Description of the improvement:** The current program automatically assigns a birth weight of 4 kg to all animals that are not weighed at birth, regardless of breed. There is a great variety of breed sizes assessed by GenOvis. After a thorough analysis of the lambs' birth weights, it was determined that it would be preferable to use the average of each breed, or breed group, in the calculation of genetic evaluations for the lambs

not weighed at birth. The new version of GenOvis uses the average birth weight of the breed or group, instead of assigning a 4 kg weight. Other factors, such as the number of lambs born, the age of the ewe, the sire and the sex of lamb are currently taken into account in the genetic evaluation model for the EPD birth weight and all these will be preserved in the upgraded version.

**Advantages:** A 4 kg default weight for all animals not weighed at birth runs the risk of over estimating or underestimating birth weight for certain breeds. This estimation can seriously impact selection within the same flock. Birth weight is used to calculate the adjusted 50-day weight and is included in the calculation of the genetic evaluations. The use of a breed, or group, average birth weight will improve accuracy of the genetic evaluations. The best course of action for a producer, of course, is to weigh his lambs at birth.

## Three types of dams will now be considered in the model (genetic dam, surrogate dam and foster dam)

**Description of improvement:** In the current model, dam type is not considered in the calculation of genetic evaluations. A lamb fed by its biological dam, a lamb fed by bottle and a lamb fed by a foster ewe are all considered to be fed by the genetic dam. In addition, a lamb born to a surrogate dam is considered born of its biological dam. In the new genetic evaluation model, each lamb can have up to three different dams to influence its performance. The improved version will differentiate the three possible dam types: the genetic dam is the one who contributed to half of the lamb's DNA, the surrogate dam is the one who carries the embryos and gives birth to lambs, and the foster dam nurses the lamb from birth to weaning (can also be artificial feeding). Although the current database has always made the necessary distinction between the three dams, the information was not used in the original genetic evaluation model. However, all of the dam-type data collected since the creation of GenOvis may now be used to inform the new genetic evaluation model.

## Changes in the weighing period, weights and ultrasound measurements

**Description of improvement:** The table below shows the changes made to the time of weighing and the accepted values following the detailed analysis of the database.

**Advantages:** In the improved system, the period for 100 day weights and ultrasound measurements are the same, which will provide a significant time savings. In addition, the expansion of the accepted values for birth weight (0.5 to 9.9 kg instead of 1.2 to 8.0 kg) will better evaluate the lambs that were outside of the acceptable range and were assigned the weight of 4 kg by default. This had the effect of biasing the birth weight used for the calculation of the genetic evaluation of the animal.

The new accepted weight range will then include almost all animals weighed at birth. The modification at the interval for measuring the loin has been defined based on the analysis of the minimum and maximum values recorded in the database.

In the coming months, geneticists and the GenOvis development team will finalize the last details. A complete article about the improved index will be published before the implementation of the enhanced version of GenOvis. In addition, a free webinar dealing with program enhancements will be available this fall. For more information about GenOvis and these program changes, we invite you to contact the genetic team at CEPOQ 418-856-1200, extension 221. We will be happy to answer all of your questions.

	Accepted in actual model	Accepted in improved model
<b>Birth weight</b>	Between 1.2 and 8.0 Kg	Between 0.5 and 9.9 Kg
<b>50 day weight period</b>	Between 28 and 69 days	Between 28 and 72 days
<b>Weight at 50 days</b>	Between 2.5 and 40.0 Kg	Between 2.5 and 40.0 Kg
<b>100 day weight period</b>	Between 70 and 120 days	Between 73 and 135 days
<b>Weight at 100 days</b>	Between 7.0 Kg and 65.0 Kg	Between 7.0 Kg and 65.0 Kg
<b>Minimum delay between 50 and 100 days</b>	28 days	28 days
<b>Ultrasound measurement period</b>	Between 70 and 135 days	Between 73 and 135 days
<b>Loin measurement</b>	Between 4 and 44 mm	Between 10 and 44 mm
<b>Fat measurement</b>	Between 0.57 and 14.9 mm	Between 0.57 and 14.9 mm

### FREE Webinar On Improvements To the GenOvis Program

**For:** GenOvis program users, farmers, producers and stakeholders wishing to learn more about the upcoming changes

**Topics:** training on the various improvements to the GenOvis program, with emphasis on the benefits of the changes

**When:** Fall 2016 (available in French and English)

**Cost:** free

**Where:** online, in the comfort of your own home. High speed Internet and headphones are required.



## Selection Indexes Best Suited for Breeders!

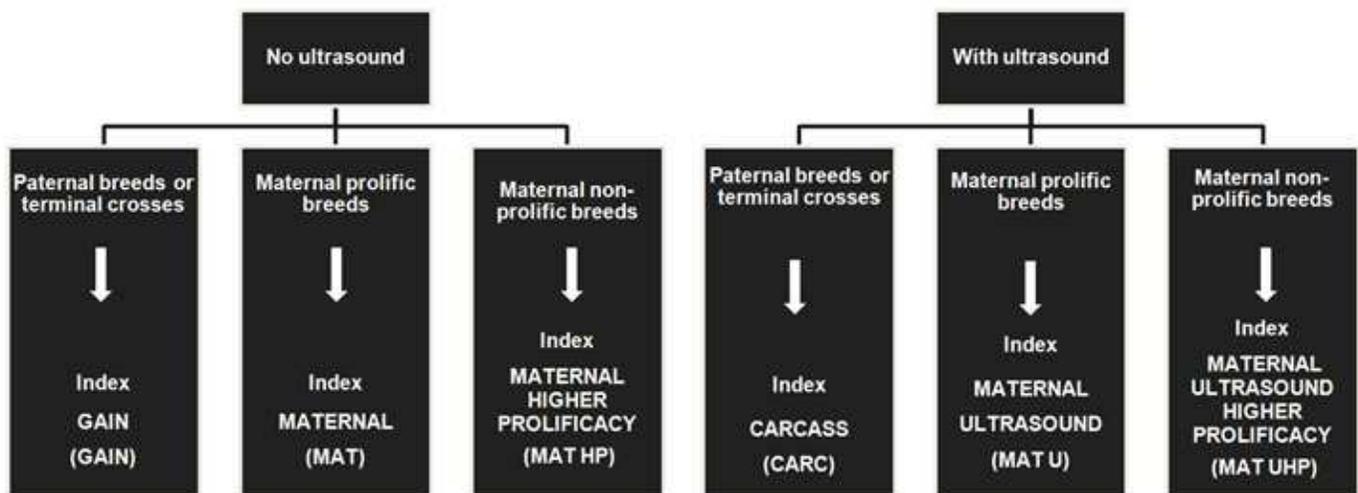
The needs of the sheep industry have evolved in recent years, so genetic selection guidelines had to be re-viewed. Therefore, in November of this year, the genetic evaluation program, GenOvis, will update its selection indexes. The planned adjustments will serve to broaden genetic advancement and will specifically target breeding characteristics that carry an economic impact. These new indexes will also meet the needs recently expressed by purebred and commercial producers. More information on these positive changes is provided below.



Since the implementation of the indexes in the early 2000s, sheep breeds have evolved, and market needs have changed. The best example is the selection of breeding stock in the prolific maternal breeds. These breeds have now reached an optimum level in terms of number of lambs born. Recommendations are now focusing less on the number of lambs born and more on maternal traits (lamb weight at weaning, survival rates, etc.) and terminal traits (better growth and carcass quality). Other indexes are aimed at improving performance in less prolific breeds and in terminal breeds. Thus, the four current selection indexes (Growth (GX), Terminal (Tx), Growth Ma-

ternal (GxM) and Terminal Maternal (TxM) will be replaced with six new indexes -- three without ultrasound measurements (GAIN, MAT, MAT-HP) and three with ultrasound measurements (CARC, MAT-U and MAT-UHP).

When it comes time to select breeding animals based on their genetic potential, such as ewe lambs from your own flock or rams from another flock, it is difficult to identify the best animals by looking only at EPD values<sup>1</sup> (EPD = estimated progeny difference). For breeders who try to choose breeding stock by considering every assessed trait, the decision is often difficult, as there are a large number of traits available for genetic selection. In addition to the high number of traits to be considered, the ge-



<sup>1</sup> The EPD (estimated progeny difference) is an estimate of the genetic value an animal will pass on to its offspring. The EPDs are calculated using all the performance data of related animals, as well as the performance of the animal itself. Animals with the best EPDs for a given trait are those that have the highest probability of producing exceptional progeny for that trait.

## New Indexes Description

	Animals without ultrasound measurements	Animals with ultrasound measurements
Paternal Breeds	<p><b>GAIN Index (GAIN)</b></p> <p>This index is used to select rams whose descendants will all be sent to a slaughter. It is used for animals that have not had ultrasound measurements, so only growth traits are considered in the calculation. This index replaces the current Growth index (Gx).</p>	<p><b>CARCASS Index (CARC)</b></p> <p>This index is used to select rams whose descendants will all be sent to a slaughter. It is also an excellent indicator for the selection of breeding stock in terminal breeds. This index is calculated and available only if the producer takes ultrasound measurements in order to improve carcass quality. It replaces the current Terminal index (Tx).</p>
Prolific Maternal Breeds	<p><b>MATERNAL Index (MAT)</b></p> <p>This index is used to select ewes and rams of prolific maternal breeds (e.g. Rideau Arcott, Romanov) when prolificacy is already near the intended optimal. In this case, our goal is to improve reproductive traits (survival (MAT), birth weight (MAT), weight at 50 days (MAT), etc.) while putting little emphasis on improving the number of lambs born. In addition to reproductive traits, growth traits are included in this index.</p>	<p><b>MATERNAL ULTRASOUND Index (MAT U)</b></p> <p>This index is similar to the MATERNAL index, except it also includes the carcass traits (loin and fat) measured with ultrasound. Thus, this index makes it possible to select ewes and rams in prolific maternal breeds, where prolificacy is nearly optimal, but a better carcass may be selected. With this index, our goal is to improve reproductive traits (survival (MAT), birth weight (MAT), weight at 50 days (MAT), etc.) while focussing less on improving the number of lambs born. In addition to reproductive traits, growth traits and carcass quality traits are included in this index.</p>
Non-prolific Maternal Breeds	<p><b>MATERNAL HIGHER PROLIFICACY Index (MAT HP)</b></p> <p>This index is used to select ewes and rams of non-prolific maternal breeds (eg: Dorset), when we want to further improve the number of lambs born. It also helps identify highly prolific animals, where the goal is to improve reproductive traits by focusing on the number of newborn lambs. In addition to reproductive traits, growth traits are included in this index.</p>	<p><b>MATERNAL HIGHER PROLIFICACY WITH ULTRASOUND Index (MAT UHP)</b></p> <p>This index is similar to the MATERNAL HIGHER PROLIFICACY index, except that it also includes the carcass traits (fat and loin) measured with ultrasound. This index makes it possible to select ewes and rams in non-prolific maternal breeds, where we would like to further improve the number of lambs born, in addition to improving carcass quality characteristics. This index also identifies very prolific animals, where the goal is to improve reproductive traits by focusing on the number of newborn lambs. In addition to reproductive traits, growth traits and carcass quality traits are included in this index.</p>

netic potential of an animal often varies depending on the observed trait (sometimes a positive value for a trait, sometimes a negative value for another trait). Therefore, it is quite common to have animals offering excellent breeding values for certain traits and poor values for other traits (e.g. excellent EPDs for growth traits, but poor EPDs for reproductive traits). This phenomenon is common given the fact that certain traits have negative genetic correlations with one another. For example, weight gain before or after weaning has a negative genetic link with birth weight. Thus, many animals are left with positive EPDs for weight gain before and after weaning and negative EPDs for birth weight (or vice versa). So, how can you find your way among several genetic values for a given animal's EPDs, when some EPDs are positive and others are negative?

To effectively select an animal on multiple traits, producers can rely on one tool: **selection indexes**. A selection index combines the genetic values of the various breeding traits in order to arrive at a single reference value. The single index value helps producers to pre-select

a group of breeding animals that stand out from the lot, in order to select the best animal(s).

*To effectively select an animal on multiple traits, producers can rely on one tool: **selection indexes**.*

### Updated indexes

On previous page are the 6 updated selection indexes that will be available beginning November 4, 2016. These were developed according to different production models in order to facilitate the work of both purebred and commercial producers. In addition, these indexes incorporate other improvements made to GenOvis. For example, new EPDs like survival rate will be included in the indexes.

### Index Calculation Method

There are 3 factors used in determining the importance of a trait within an index. The first is the **economic value of the trait**. A bio-economic model makes it possible to calculate the economic value of the various traits of interest

in genetic selection. This model was developed by a research group from the University of Guelph, and presented at a global conference on genetics<sup>2</sup>. The greater the impact of the improvement of a trait on the economic return for a producer, the more that trait will matter in the selection index. The second factor is the **heritability of the trait**. Heritability measures the degree of transmission of a trait from parents to offspring. The greater the heritability, the faster the genetic progress will be, and by consequence, the more that trait will matter in determining the index value. Finally, the third factor is the **correlation, or relationship, of one trait to other traits**. This factor takes into account the positive or negative effects of the genetic progress of a trait on other traits.

To give an idea of the relative importance of EPDs in indexes, Figure 1 shows the weighting (in percentage) of sub-indexes according to: growth, carcass quality, and reproduction qualities aimed at greater prolificacy, as well as lambing interval. For example, the CARCASS index consists of 65% of growth traits and 35% of carcass traits. In order of importance, these sub-indexes consist of the following EPDs:

<sup>2</sup> Quinton C, Kennedy D, Stachowicz K, Miller S. 2014. Economic breeding objectives for Canadian lamb. Proceedings of 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Vancouver BC, Aug 17-22 2014. 003.

**Growth:**

Gain from 50 to 100 days EPD;  
 Weight to 50 days EPD (direct);  
 Birth weight EPD (direct);  
 Survival rate EPD (direct);

**Reproduction:**

50 day weight EPD (maternal)  
 Lamb survival rate EPD (maternal)  
 Birth weight EPD (maternal)  
 Number born at later lambing EPD  
 Number born at first lambing EPD  
 Total weight at weaning, later lambing EPD  
 Total weight at weaning at first lambing EPD

**Carcass:**

Loin depth EPD;  
 Back fat depth EPD;

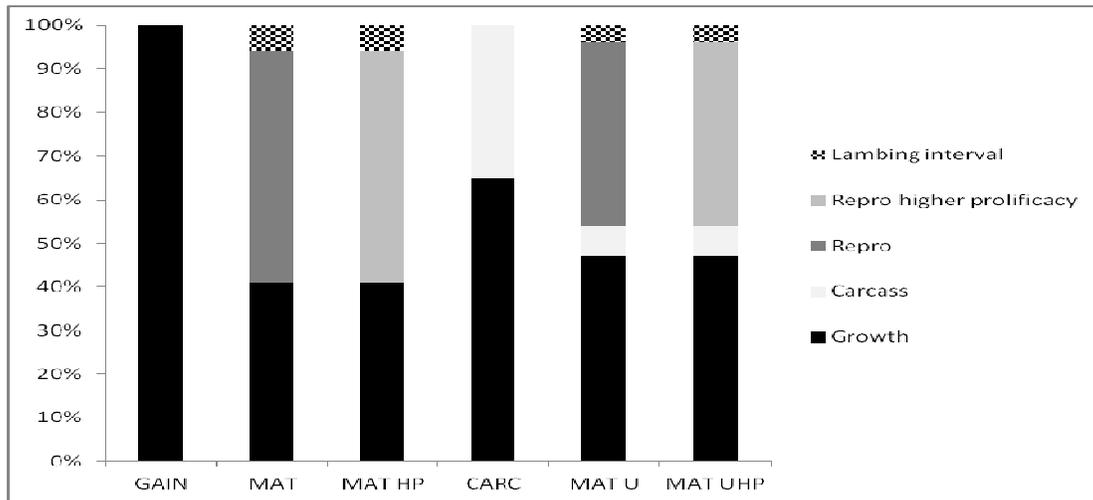
**Reproduction with higher prolificacy:**

Number born at later lambing EPD  
 50 day weight EPD (maternal)  
 Number born at first lambing EPD  
 Lamb survival rate EPD (maternal)  
 Birth weight EPD (maternal)  
 Total weight at weaning, later lambing EPD  
 Total weight at weaning at first lambing EPD

**Lambing interval:**

Lambing interval EPD

Figure 1: Relative importance of traits in the 6 selection indexes according to growth, carcass, reproduction, higher prolificacy and lambing interval categories.



Finally, the selection indexes combine the genetic value of a given number of traits, as mentioned above. Therefore, it's important to remember to include other parameters, such as conformation, when selecting breeding animals. For example, even if a ram has a very good index, it is important to make sure that he has

the conformation needed to ensure longevity within the flock. It is ideal to use the indexes as a benchmark to make a first round of selection between animals with a higher genetic potential vs. those with a lower potential. These indexes do not constitute an end in themselves.

For more information, a webinar will be presented in late October on indexes and other enhancements to the GenOvis program. Look for your CEPOQ e-newsletter to register!

*We would like to thank to the University of Guelph for the development of the economic indexes. A special thanks to Larry Schaeffer, Cheryl Quinton and Delma Kennedy for their great contribution in the development of these indexes.*

# GenOvis: New program brings new questions

By Amélie St-Pierre, AHT, and Frédéric Fortin, agr., M.Sc.

Last November, GenOvis underwent many changes in both the calculation of EPDs and the use of genetic indexes. Since changes often raise questions, several datasheets were put online to prepare users for the future changes. The following article answers the most common questions the CEPOQ genetic team has received recently.

## *I have a commercial flock. Which index should I use?*

When looking for replacement females, choose the animals with the best MAT-HP indexes if you want to improve your flock prolificacy, or the best MAT index if you want to improve lamb weaning weight without improving prolificacy.

When looking for rams, you should know what you want the ram to do for you:

- Sire market lambs with good growth: CARC or GAIN
- Sire replacement females having more lambs per lambing: MAT-HP or MAT-UHP
- Sire replacement females with better maternal qualities, without increasing the number of lambs born: MAT or MAT-U.

**Dale F. Engstrom**  
M.Sc., P.Ag.

### **Consulting Nutritionist**

Specializing in sheep nutrition & feeding systems

Email: engstrom.df@gmail.com  
Mobile: (780) 982-7170



Photo by Tracy Hagedorn

Remember that CARC, MAT-UHP and MAT-U indexes are only available in flocks where ultrasound measurements are made on the lambs.

## *I want to buy good replacement females for my commercial flock. Which numbers should I look at?*

Use the same indexes to buy replacement females that you would use

to select from your own flock. Your objective will determine the best selection index to use.

When buying replacement females, it is also important to take advantage of hybrid vigour by purchasing F1 females from a breeder who is enrolled in a genetic evaluation program and has made good genetic progress over several years. The breeder's

The Canadian Sheep Federation is pleased to introduce the new Canadian Verified Sheep Program, an expansion of the Food Safe Farm Practices Program that includes chapters on Animal Care and Biosecurity.

The Canadian Verified Sheep Program has been developed to allow producers to demonstrate responsible management practices on their sheep farms, building off the Codes of Practice for the Care and Handling of Sheep and the National On-Farm Biosecurity Standard.

Contact the Canadian Sheep Federation for program materials. Take the training on-line at [www.cansheep.ca](http://www.cansheep.ca).

*This project has received funding under Growing Forward 2, a federal, provincial, territorial agreement.*

### **Kristy House, CVSP National Coordinator**

PO Box 10 Williamsburg PO  
Williamsburg, ON K0C 2H0  
1-888-684-7739 613-220-2711  
[info@cansheep.ca](mailto:info@cansheep.ca) [www.cansheep.ca](http://www.cansheep.ca)



reports should show the pedigree of the F1 females, and their genetic potential. After you have identified the right animals on paper, you should evaluate them for conformation and physical soundness, which can affect their longevity.

*What is happening with my EPD values? In the previous program, I never kept a ram whose loin EPD was less than +2. Now, in the new program, I don't have any rams with values greater than +2. What should I do?*

It is important to understand and remember that you cannot compare EPDs or indexes across the two programs. There are too many differences in the EPD calculations and reference values to allow for any comparison. For example, the base year in the old program was the year 2000; the base year in the new program is 2010.

Look at the percentile rankings of your EPDs and selection indexes

when comparing your animals with each other, or with other members of the same breed in other flocks.

*I would like to improve the number of lambs born for my Suffolk females. Should I select my females on the MAT-UHP index and my rams on the CARC index?*

Both males and females pass genes for all traits on to their offspring. To maximize genetic progress, breeders should use the same index for males and females. Selecting rams for growth and females for maternal traits slows the rate of progress for the selection objective. For this terminal sire breed, both males and females should be selected using the CARC index.

You could, however, after making a first selection of males and females for growth, rank those selected animals for another trait of interest. Your first selection could be made on a genetic index, and then another selec-

an ancient breed  
**ICELANDICS**  
for the modern farmer



[www.isbona.com](http://www.isbona.com)

*Buying and selling all classes of sheep and goats*  
Live weight pricing • Licensed, bonded, and insured  
Same-day payment

## **FORT MACLEOD AUCTION**

PO Box 1330 Fort Macleod, AB T0L 0Z0 • 1-888-553-7715

Darren Shaw: 403-601-5165 • Ryan Konynenbelt: 403-892-6534 • [www.livestock.ab.ca](http://www.livestock.ab.ca)

# **WESTERN**

*Sheep Marketing Ltd*

A Division of  
Southern Alberta  
Livestock Exchange Ltd

 **S.A.L.E.**

tion made for the secondary EPD you are interested in. But remember, that whenever you put emphasis on anything other than the selection index you are most interested in, it will reduce the rate of genetic improvement in that index to some extent. This is because you are choosing a different group of animals as parents of the next generation than would have been chosen if that index alone had been used.

By focusing only on a selection index, in this example the CARC index, genetic progress will be optimal for growth and carcass quality. This method of selection remains the one that allows the fastest genetic improvement.

***Why do my animals now have negative EPD and index values? Are they all poor animals?***

In the old program, the average EPD was around 0 within each of the breeds. Subjects with positive EPDs were therefore breed improvers and those with EPDs below 0 were genetically inferior to the average of the breed. The new program works differently. The average is no longer 0 within each of the breeds; an average may be more or less than zero. This means that an animal with a positive EPD is not necessarily an improver for the breed (although it may be), and an animal with a negative EPD value might be above average for the breed (or it might be below). Remember! Use the percentile rankings to know where an animal is relative to its breed. Although it can be confusing, this change was made to improve the accuracy of the genetic evaluations.

***How can the changes in genetic values in my flock be explained?***

Five major factors have been identified as the source of the majority of the differences in EPDs and index values between the old program and the one that has been in place since November 7, 2016.

***1. Breeds with small numbers of enrolled animals***

The new program uses more breeds, and more accurately-assigned breed groups, which improves comparisons between animals. If a breed was superior to the other breeds in its previous breed group, its percentile rankings tend to fall in the new program. The lower percentiles result from the animals only being compared to other animals of the same breed, or to a breed group that is more similar to itself than before. The opposite is also true; some breeds have improved their percentile rankings.

***2. Missing birth weights***

Weighing at birth is important for obtaining genetic values for birth weight, but also for improving the accuracy of genetic evaluation for weaning weight (50 day weight). If an animal's birth weight is missing, the calculation of the birth weight EPD is done using only the birth



*Photos by Tracy Hagedorn*

# WET NURSE™

## MILK REPLACER

**COMPETITIVE EDGE LAMB 22-22-22**  
**WET NURSE LAMB 24-24-30**

**Meeting Every Need...**

- ★ **Bottle Feeding**
- ★ **Free Choice**
- ★ **Automated Machines**
- ★ **Individual Lambs**
- ★ **Large Flocks**

WITH ESSENTIAL 4 Lipids & Amino

**A unique bioactive fatty acid technology for immune system support and healthy growth.**

**PMT INC.**  
1-800-299-7904  
www.pmtgroup.com

weight of its relatives. But an EPD for 50-day weight cannot be calculated without a birth weight; if the breeder does not provide a birth weight, the program assigns an estimate. In the old program, lambs that did not have a birth weight recorded were assigned a birth weight of 4 kg. Rather than using the same average weight of 4 kg for all breeds, the new program estimates birth weights based on the average of each breed. Breeders who record their birth weights did not experience fluctuations in their EPDs as a result of this change, but breeders who do not record birth weights (or who only record some of them) have been affected, especially for breeds with birth weights higher or lower than 4 kg.

3. *Bottle fed and fostered lambs are properly recorded*

The old GenOvis program gave all the credit for lamb weaning weights to their birth mother, regardless of whether she raised the lambs or not. In the new program, it is possible to distinguish the actual contribution of the birth mother in the weaning weights of the lambs. Breeders who use bottle-feeding and/or adoption in their flock management, and record this information in GenOvis, have observed changes in their genetic values as a result. This better attribution of the credit affects the estimate of the maternal 50-day weight EPD, which is an indication of the ability of a female to wean heavy lambs, and the 50-day direct EPD, which is an indication of the genetic potential of the lamb to grow rapidly until weaning.

Unlike the other factors causing fluctuations in genetic values, where breeders with the best records saw fewer fluctuations, keeping good records of bottle-feeding and adoptions actually results in larger fluctuations between programs. But breeders who properly reported adoption and bottle-fed lambs now enjoy more accurate genetic values than before.



*Photo by Tracy Hagedorn*

*The updated genetic program now better identifies very prolific ewes who do not wean their lambs and who routinely leave several bottle lambs.*

4. *Individual animal performance versus performance of relatives*

Well-managed flocks have stable environments that promote consistency in the performance of parents and progeny that are born and raised in different years. By reducing the environmental variation in the flock from year to year, these systems also promote more accurate estimation of genetic values.

In the new GenOvis program, the estimates of heritability (the degree of transmission of traits from one generation to the next) used for several traits have been reduced. Lower heritability estimates result in more emphasis being placed on the performance of an animal's offspring and other relatives, and less emphasis being placed on the animal's own performance. Flocks with more uniform, well-controlled management systems have observed smaller changes in their genetic values as a result of this change.

*A lamb with exceptional growth performance will now have less advantage in its genetic evaluation than in the past. This is due to the new pro-*

*gram putting more emphasis on the performance of relatives. If the entire family is high performing, the lamb's individual evaluation will remain high, but if the lamb is the only good performer in its family, there is a better chance that its performance is due to some advantage in its environment rather than its genetic potential, and its EPDs in the new program will reflect this.*

5. *Distribution of rams in breeding groups*

Genetic progress within a flock is largely influenced by the rams used as breeding animals. Variations in the genetic values of these rams will influence the genetic values of their offspring. Much of the variation observed in flock genetic values between the old and new programs is due to variations in how breeding rams are used.

**Custom  
Woolen  
Mills Ltd.**

R.R. 1, Carstairs, Alberta, Canada. T0M 0N0.  
Phone/Fax: (403) 337-2221  
[www.customwoolenmills.com](http://www.customwoolenmills.com)

**Currently purchasing coloured  
wool fleece - phone for details.**

In order to perform good selection work, a minimum of three rams should be used for breeding. The use of several well-distributed (i.e., each ram breeds roughly the same number of ewes) rams reduces the risk of extreme variations in indexes. Flocks that have used small numbers of rams, or that have overused some rams and underused others, are more likely to see large variations in their index values.

*If a single ram is used on a farm to create replacement lambs, and this ram's EPDs and/or indexes are lower than expected, all of the lambs on the farm will be affected. Conversely, if several rams are used, only some of the replacement lambs will be affected by the poor results of any one of them.*

### Conclusion

In general, good selection practices have led to smaller variations in index values. Where bottle lambs and adoptions are concerned, the new program makes it possible to better distinguish the genetic contribution of the birth mother, the foster mother or the lamb itself. Proper data entry leads to a better estimation of genetic potential.

*Visit our website, [www.genovis.ca](http://www.genovis.ca), to find a section dedicated to the most frequent questions about the GenOvis program and to get more information on the updated genetic indexes.*

*Amélie St-Pierre and Frédéric Fortin work at the CEPOQ research station in La Pocatiere, Quebec.*

## Shillalah Suffolks

Bred for traditional meat type  
and high production

*British bloodlines  
Maedi Visna-negative  
Scrapie genotyped*

Don & Florence Pullen  
Clinton, Ontario

**519-233-7896**

## CCWG Lethbridge now open for business in new facility



*Out of the old at 918-1st Ave South, Lethbridge, and into the new at 145 Broxburn Boulevard, Lethbridge, Alberta.*



**May 12, 2017**

### From a press release

The Canadian Co-operative Wool Growers Limited has completed construction on a new 14,000-square-foot facility located in the Broxburn Business Park. Conveniently located approximately three kilometers from the city of Lethbridge, and in close proximity to both major livestock auctions, the Broxburn Business Park features a wide range of agri-business. We are enthusiastic about the opportunity of increasing our customer base and expanding our business in this exciting new environment.

The company-owned property at 918-1st Avenue South in Lethbridge has been sold, and the sale proceeds applied to the new building.

The new facility is situated on a 1.5-acre lot and is comprised of office, retail and warehouse space. An expanded agricultural product line is

planned and will be prominently displayed in a large, attractive and modern retail store.

Improvements in the wool warehouse have also been made to allow for more efficient wool handling.

CCWG extends a warm welcome to all our clientele, and look forward to meeting new customers as well. A grand opening will take place later this year. For more information please call the Lethbridge branch on our toll free number, 1-800-567-3693, or email them at [ccwglb@wool.ca](mailto:ccwglb@wool.ca).

**WESTERN**  
*Sheep Marketing Ltd*  
SALE. A Division of Southern Alberta Livestock Exchange Ltd

**DARREN SHAW** Cell: 403-601-5165

Fort Macleod Auction: 1-888-553-7715

**[www.livestock.ca](http://www.livestock.ca)**



# L'Option



FALL 2016

## SUMMARY:

- New genetic program will arrive soon!

*Which new EPDs will be included in the updated genetic indexes?*

*What are the new genetic indexes?*

## IN THIS EDITION:

New GenOvis Program — Online Soon! 1

Meet the New EPDs in an Improved Genetic Evaluation Program! 1

What's Up With The Selection Indexes? 2

GenOvis Webinar 3

EPD and index calculations on November 4 3

Improved GenOvis section 3

## New GenOvis Program—Online Soon!

The new genetic program will be added online on November 4, 2016. The GenOvis web application will remain basically the same. Only EPDs and new index values will change on reports. The main index changes were done within the genetic module calculation. Reports will look the same, but will include the new EPDs and genetic indexes.

November 4, 2016

## Meet the New EPDs in an Improved Genetic Evaluation Program!

The new GenOvis program will use three new EPDs to replace three existing EPDs. The new EPDs are included in the improved genetic indexes and will help to identify the most profitable animals.

### EPD Gain 50-100d

In the old program, EPD 100d weight direct was shown on reports and used in all selection indexes. It was meant to reflect lamb growth to market. In fact, this EPD was the combination of EPD 50d weight direct and EPD Gain 50-100d direct. EPD Gain 50-100d direct will replace EPD 100d weight direct in the improved GenOvis program. This will allow covering two different growth stages using two different EPDs. The two periods are birth to weaning (EPD 50d weight direct) and weaning to 100d (EPD Gain 50-100d direct).

The old EPD 100d weight direct was greatly influenced by EPD 50d weight direct as it was used in EPD 100d weight calculation. Therefore, it was difficult to make a distinction between the growth 0-50d and 50-100d. Since the new EPD Gain 50-100d is less related to EPD 50d weight, breeders will now obtain more information on the genetic potential of their flock.

### EPD Total weight weaned

(EPD Total weight weaned 1<sup>st</sup> lambing (TWW 1<sup>st</sup>) and EPD Total weight weaned later lambings (TWW later)

The EPD Weaned of the old program considered only the number of lambs weaned by the ewe. In the new, improved program, EPD Total weight weaned will consider both the number of lambs weaned by a ewe and the

lambs' weights. The total weight of lambs weaned by a ewe is now considered in this EPD calculation. The improvement is particularly relevant as several breeds seem to have already reached the optimal number of lambs weaned. The genetic progress for those breeds will now focus on weaning heavier lambs, or having heavier total litter weights, at weaning.

By considering the weaning weights of lambs, the dam's contribution to the lambs weaning weights will be included in the reproduction model through the EPD 50d weight maternal and the EPDs total weight weaned 1<sup>st</sup> and later lambings.

EPD Total weight weaned 1<sup>st</sup> lambing will replace EPD Weaned 1<sup>st</sup> lambing and EPD Total weight weaned later lambing will replace EPD Weaned later lambings.

## What's Up With The Selection Indexes?



*Any genetic program must revise its selection indexes to insure the selection is based on market needs, which are constantly evolving. Selection objectives change over time and genetic progress within certain breeds creates new selection needs. For these reasons, genetic indexes were revised to offer users new selection tools that will better meet today's sheep industry needs.*

### From Growth index (Gx) to Gain index (GAIN)

The **GAIN index (GAIN)** is very similar to the Growth index, but it also includes the lamb survival direct trait.

### From Terminal index (Tx) to Carcass index (CARC)

**CARCASS index (CARC)** places more emphasis than the Terminal index on carcass quality traits. The Carcass index will quickly increase loin eye depth while limiting fat cover as much as possible.

Within the Carcass index composition, a weighting of 17.5% is given to loin eye depth compared to 12% in the Terminal index. In regards to fat cover, the weighting was raised from 9% in Terminal index to 17.5% in the Carcass index.

Finally, the lamb survival trait was also added to this index.

#### GAIN :

- lamb survival dir was added

#### CARC:

- close to twice the emphasis on loin eye depth and fat cover
- lamb survival dir was added

### From Growth Maternal index (GxM) to Maternal index (MAT) and Maternal Higher Prolificacy index (MAT-HP).

For the maternal index, opposing needs were expressed by two categories of maternal breeders. Non-prolific maternal breeds already have animals that perform well in growth and milk production, but would like to increase prolificacy. On the other hand, prolific maternal breeds do not want to increase prolificacy, but would like to increase weaning weights and milk production.

To meet both needs, two maternal selection indexes were created to replace the Growth maternal index.

The **MATERNAL index (MAT)** was designed for prolific maternal breeds. This index puts most emphasis on 50d weight mat, birth weight mat and lamb survival mat. Consequently, there is less emphasis on number born and number weaned later (replaced by TWW later). The new maternal index will improve reproductive traits by putting low emphasis on number born.

The **MATERNAL HIGHER PROLIFICACY index (MAT-HP)** was designed for non-prolific maternal breeds. This index puts more emphasis on number born than the Growth Maternal index. The Maternal Higher Prolificacy index is similar to the Growth Maternal index, but also includes the following traits: lamb survival maternal and direct, number born 1<sup>st</sup> lambing, total weights weaned 1<sup>st</sup> lambing and later lambings (these ones replace number weaned 1<sup>st</sup> lambing and later lambings) and lambing interval. These new traits are also included in the Maternal index (MAT).

#### MAT:

- more emphasis on:
  - 50 mat
  - Birth weight mat
  - Lamb survival mat
- less emphasis on:
  - Number born
  - Number weaned (now TWW later)
- add :
  - Lamb survival mat and dir
  - Number born 1<sup>st</sup> lambing
  - Total weights weaned 1<sup>st</sup> and later lambings
  - Lambing interval

#### MAT-HP:

- more emphasis on number born than MAT
- add :
  - Lamb survival mat and dir
  - Number born 1<sup>st</sup> lambing
  - Total weights weaned 1<sup>st</sup> and later lambings
  - Lambing interval

## From Terminal Maternal index (TxM) to Maternal Ultrasound index (MAT-U) and Maternal Ultrasound Higher Prolificacy index (MAT-UHP)

Similar to the Growth Maternal index, two new maternal indexes will replace the Terminal Maternal index. Prolific maternal breeders who want to increase reproduction and carcass traits, while reducing emphasis on prolificacy, will use the **MATERNAL ULTRASOUND index (MAT-U)**. Others breeders that prefer to increase their ewes' prolificacy, while selecting for better carcass traits, will use the **MATERNAL ULTRASOUND HIGHER PROLIFICACY index (MAT-UHP)**.

MAT-U:

MAT + ultrasound data

MAT-UHP:

MAT-HP + ultrasound data

As you can see, new selection indexes are a logical evolution of current selection indexes and now include additional traits. Index needs change over time depending on market needs and the genetic progress within different breeds. New indexes utilize current knowledge in genetic evaluation to allow precise selection of animals for a specific purpose. The new indexes were designed to optimize selection benefits according to the needs expressed by breeders, commercial producers and the lamb market.

Discover our  
video clips on  
different topics  
related to sheep  
on our websites  
[www.cepoq.com](http://www.cepoq.com)  
[www.genovis.ca](http://www.genovis.ca)

Capsules Vidéo



## GenOvis Webinar

Do not forget to register for our webinar on the updated GenOvis program, which will be presented on **November 10, 1:30pm Eastern Time.**

*If you are interested in the webinar, but are unable to attend, please contact us for the possibility of alternate dates.*

### EPD and Index Calculations on November 4

The new EPD and index calculations require more time for completion. As of November 4, EPD and index calculations will begin at 10pm ET on Friday and the new genetic evaluations will be available at **7am ET on Sunday.**

Visit the special section on our website to stay aware of new GenOvis program news. Click on the following link to access:

*Improved GenOvis: News*

### Contact us :

✉ CEPOQ, 1642, rue de la Ferme  
Ste-Anne-de-la-Pocatière (Qc) G0R 1Z0  
☎ 418 856-1200, extension 221  
@ : [genovis@cepoq.com](mailto:genovis@cepoq.com)  
🌐 : [www.genovis.ca](http://www.genovis.ca)  
🌐 : <http://quartet.aps.uoguelph.ca/csges/>



### Editors:

Amélie St-Pierre, tsa  
GenOvis Data Entry Service  
Frédéric Fortin, M. Sc.  
CEPOQ Geneticist

Various videos  
will help you  
using the online  
program.



# L'Option



FALL 2017

## SUMMARY:

- How to efficiently use the optimal option of the mating module

## IN THIS EDITION:

- Learn more about the optimal option of the mating module 1
- How to use the 5 available options 2
- Ideas on how to optimize genetic advancement 3
- Update your inventory 3

## Optimal option—how to use it?

A year ago, we were moving to a new genetic program. New EPDs and genetic indexes were released to improve the genetic selection of sheep in Canada. Canadian sheep producers now have access to improved tools to make better selection and to increase their productivity. The optimal option of the mating module is also now accessible by all GenOvis members. This publication will explain how to efficiently use the optimal option.

CEPOQ would like to thank the Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec for the funding provided under the Programme de développement sectoriel au volet 4. This funding made it possible to: 1) analyze the new genetic indexes before they were implemented, 2) put tools in place for a good transition between the two genetic programs, 3) contact and assist the users most affected by the changes in the genetic values, and 4) offer a webinar on the new genetic indexes.

**Cultivons l'avenir 2**  
Une initiative fédérale-provinciale-territoriale

**Canada**

**Québec**

## How to efficiently use the optimal option of the mating module?



The GenOvis mating module offers two types of reports, the basic type and the optimal type. The basic type provides a simplified file containing the predicted genetic potential (value and percentile rank) of the two selected traits and the inbreeding coefficient of the offspring (if the box is checked) coming from the selected ewes and rams. The optimal type allows the user to determine the emphasis they want to put on the different traits selected. Also, the files created by the optimal type use an asterisk (\*) to indicate the best choice of mating according to the selected traits and the emphasis desired for each one.

**WARNING: the optimal type should never replace a breeder's good judgment! It's essential to consider all genetic progress ideas to make the best decisions.**



## How to use the optimal option of the mating module: a step by step guide.



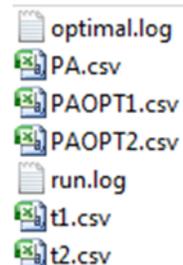
### Optimal type instructions:

- Log on to the **GenOvis web-based program**
- Click on the **Mate tab**.
- Select the **rams** and **ewes to mate**  
(select one by one, by management group, or by copying a list of animals)
- Record a **Job name if you want**. (by default your ROPID will be displayed)
- Select **traits 1** and **2** using the scroll menus.
- Select the **Optimal Type** according to the emphasis you would like to put on each trait

### 5 Optimal Types Available:

<b>Optimal 11 :</b>	<b>Emphasizes the selected trait as much as the inbreeding level</b>
<b>Optimal 01 :</b>	<b>Emphasizes only the inbreeding level (no emphasis on the selected trait)</b>
<b>Optimal 10 :</b>	<b>Emphasizes only the selected trait (no emphasis on the inbreeding level)</b>
<b>Optimal 12 :</b>	<b>Emphasizes twice the inbreeding level compared to the selected trait</b>
<b>Optimal 21 :</b>	<b>Emphasizes twice the selected trait compared to the inbreeding level</b>

- Record the **maximum number of ewes (Max ewes)** you would like to breed with each ram. The “max ewes” must equal the number of ewes selected for the job if you select only one ram. (REQUIRED)
- **Check the inbreeding box** to obtain the inbreeding level of the progeny coming from these mates.
- **Check the Use National ID box** to use the national ID (RFID) as ID in the results file instead of tattoo format.
- Click on **Submit**.
- Click on **Refresh** and repeat this step until the end job date and hour appear in the grid located at the bottom right. (for larger requests, you may leave the page and come back later)
- Click on the **Job name** in the grid (underlined in blue) then click on **Fetch**.
- A zipped file containing 4 CSV files will open.
- The two files named PAOPT1 and PAOPT2 are the results of your mating request (one per selected trait)
- Open the CSV files to access the results. The name of the selected trait is at the bottom of the data. The estimated index results is under “%” and the estimated inbreeding result is under “I%”.



## How to obtain optimal genetic progress based on well-planned matings?

A good planning of the matings is a crucial step for the genetic improvement of your herd. The optimal type mating module is a tool that can help breeders when planning their matings. However, the breeder must not rely solely on the mates proposed by the program, since the program does not take into consideration several essential genetic progress notions. Here is a small reminder of the concepts to consider to optimize the genetic progress of your herd when you are planning your matings:

- Aim for an inbreeding level lower than 6.25%
- Increase genetic diversity by:
  - ◊ Using rams from different sires
  - ◊ Distributing the best ewes in the flock amongst different rams
  - ◊ Doing the same number of matings for each ram to allow the selection of young rams from different sires
  - ◊ Exchanging genetics between flocks (creation of links between the flocks)
- Improve the accuracy of genetic values by:
  - ◊ Using a minimum of 3 rams per group of ewes (management group)
  - ◊ Using several rams (to increase the accuracy of the genetic values on the performances of the descendants and to favor the use of young rams)
  - ◊ Making genetic exchanges between flocks (improves the connection between flocks)
- Reduce generation interval (average age of parents at lambing) by:
  - ◊ Prioritizing the use of young rams (targeting rams of one year or less at mating)
  - ◊ Aiming for an average of 3 years of age of ewes at lambing
- Target the strengths and weaknesses of the flock
- Prioritize selection based on genetic selection indexes and avoid using only one EPD
- Pay special attention to conformation to maximize the longevity of your flock

**Discover our video clips on different topics related to sheep on our websites [www.cepoq.com](http://www.cepoq.com) [www.genovis.ca](http://www.genovis.ca)**

### Capsules Vidéo



**Various videos will help you using the online program.**

## Update your inventory

**This is a reminder to update your flock inventory to access accurate values on your different reports.**

### Contact us :

✉ CEPOQ, 1642, rue de la Ferme  
Ste-Anne-de-la-Pocatière (Qc) GOR 1Z0  
☎ 418 856-1200, extension 221  
@ : [genovis@cepoq.com](mailto:genovis@cepoq.com)  
🌐 : [www.genovis.ca](http://www.genovis.ca)  
🌐 : <http://quartet.aps.uoguelph.ca/csges/>



### Editors:

Cathy Thériault-Landry, APT  
GenOvis Data Entry Service  
Frédéric Fortin, M. Sc.  
CEPOQ Geneticist  
Amélie St-Pierre, AHT  
GenOvis Data Entry Service