

# Vers une évaluation génomique des émissions de méthane dans les races bovines laitières françaises

FRESCO S. (1, 2), VANLIERDE A. (3), BAUR A. (1,2), BOICHARD D. (2), AGUERRE S. (4), FRITZ S. (1,2), MARTIN P. (2)

(1) Eliance, Maison Nationale de l'Élevage, 75595 Paris cedex 12, France

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

(3) Walloon Agricultural Research Centre, Animal production Unit, 5030 Gembloux, Belgium

(4) Institut de l'Élevage, 78350 Jouy en Josas, France

## RESUME

Les émissions de méthane agricole, en particulier celles liées à la fermentation entérique des ruminants, représentent une préoccupation croissante dans le contexte de la lutte contre le changement climatique. Par conséquent, il est devenu impératif de comprendre, mesurer et diminuer ces émissions pour réduire l'impact environnemental de l'élevage bovin laitier. Une des solutions envisagées est de sélectionner les individus génétiquement moins émetteurs de méthane. Pour mettre en place une telle sélection, il est nécessaire de disposer d'une grande population d'individus phénotypés. Cela est rendu possible par l'utilisation d'équations prédisant les émissions de méthane d'une vache à partir du spectre moyen infrarouge de son lait. Trois équations de prédiction ont été élaborées à partir de données de référence mesurées par GreenFeed, deux prédisant le méthane en g/j et une prédisant le méthane en g/kg de lait corrigé pour les taux. Une quatrième équation prédisant le méthane en g/j développée dans le cadre d'un autre projet et utilisée pour le conseil dans le réseau OptiMIR a aussi été utilisée. Ces équations ont été appliquées sur 28 137 632 spectres de 2 283 488 vaches de huit races françaises et ces phénotypes à haut débit ont été mobilisés pour des analyses génétiques. Les caractères présentent des corrélations génétiques très élevées entre lactations. Les quatre caractères ont une héritabilité modérée, avec des valeurs moyennes toutes races confondues variant de 0,21 à 0,36. Nous avons aussi estimé des corrélations génétiques défavorables modérées avec les caractères actuellement en sélection. Un prototype d'évaluation a été développé, et appliqué dans chacune des races. Les premiers résultats montrent une stabilité du niveau génétique moyen des taureaux dans toutes les races entre 2012 et 2017.

## Towards a genomic evaluation to reduce methane emissions of French dairy cows

FRESCO S. (1, 2), VANLIERDE A. (3), BAUR A. (1), BOICHARD D. (2), AGUERRE S. (4), FRITZ S. (1), MARTIN P. (2)

(1) Eliance, Maison Nationale de l'Élevage, 75595 Paris cedex 12, France

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

## INTRODUCTION

Le changement climatique représente un défi mondial majeur. Le secteur agricole contribue de manière significative aux émissions de gaz à effet de serre, en particulier par ses émissions de méthane (CH<sub>4</sub>). En effet, les ruminants d'élevage au travers de la fermentation entérique (Nabbur *et al.*, 2022) sont à l'origine de 70% de ces émissions de CH<sub>4</sub> agricoles. Parmi les ruminants, ce sont les bovins qui contribuent majoritairement (77%, Gerber *et al.*, 2013). Divers leviers existent pour réduire ces émissions, parmi lesquels l'utilisation d'additifs alimentaires, la composition de la ration, la gestion du troupeau. Les approches génétiques ont également montré un potentiel prometteur (Beauchemin *et al.*, 2022). Cependant, la mise en place d'outils génétiques nécessite une quantité considérable de données phénotypiques, qu'on ne peut pas obtenir avec les méthodes complexes de mesure directe de méthane telles que les chambres respiratoires et le gaz traceur SF<sub>6</sub>. L'utilisation des prédictions à partir des spectres moyen infrarouge (MIR) du lait apparaît comme une méthode satisfaisante pour obtenir des phénotypes, certes moins précis, mais à grande échelle et à coût réduit (Coppa *et al.*, 2022 ; Dehareng *et al.*, 2012 ; Liu *et al.*, 2022). Cette grande quantité de données est un élément favorable à une évaluation génomique précise. Toutefois, la définition d'un modèle d'évaluation nécessite des estimations de paramètres génétiques : héritabilité et variances génétiques, corrélations

génétiques entre mesures intra et entre lactations, paramètres associés à chacun des caractères de méthane. Compte tenu de ces paramètres, nous proposons un modèle d'évaluation qui doit être un compromis entre précision et simplicité. Par ailleurs, la connaissance des corrélations génétiques entre les émissions de CH<sub>4</sub> et les autres caractères d'intérêt permet d'identifier les compromis potentiels et d'optimiser la sélection des différents caractères pour les améliorer simultanément.

## 1. MATERIEL ET METHODES

### 1.1. PREDICTIONS DES EMISSIONS DE METHANE

Trois équations de prédictions individuelles à partir de spectres MIR ont été développées dans le cadre du projet Methabreed, à partir de données de référence d'émissions de CH<sub>4</sub> mesurées par GreenFeed (C-Lock Inc, Rapid City, SD, USA). La première équation, MeP\_direct, prédit le CH<sub>4</sub> en g/j (Fresco *et al.*, 2024). La seconde (MeI) prédit le CH<sub>4</sub> en g/kg de lait corrigé pour les taux (PLC). La troisième prédiction est obtenue en multipliant la prédiction MeI par la PLC observée à la traite ayant fourni le spectre MIR (MeP\_indirect, g/j). Enfin, une quatrième prédiction est obtenue en appliquant l'équation de prédiction utilisée en conseil dans le réseau OptiMIR (MeP\_O, g/j) (Vanlierde *et al.*, 2021).

## 1.2. PHENOTYPES DISPONIBLES

Les équations ont été appliquées aux spectres MIR obtenus dans le cadre du contrôle laitier. Les spectres MIR de 2 283 488 vaches de 8 races françaises (Abondance, Brune, Holstein, Montbéliarde, Normande, Simmental, Tarentaise et Vosgienne) entre 5 et 305 jours de lactation collectés entre 2013 et 2023 ont été fournis par les établissements de contrôle laitier. Au total, 28 137 632 prédictions MIR ont été obtenues. En parallèle, les phénotypes de production laitière (quantité de lait (QL), taux butyreux (TB) et taux protéique (TP), score de cellules somatiques), les informations zootechniques (date de naissance et de mise bas, troupeau) et les pedigrees ont été extraits de la base de données nationale bovine (INRAE-CTIG).

La production laitière corrigée pour les taux (PLC) a été calculée à partir de la quantité de lait QL et des taux TB et TP à l'aide de la formule proposée par la FAO en 2010 :

$$PLC = QL \times (0,337 + 0,116 \times TB + 0,06 \times TP)$$

## 1.3. FILTRAGE DES DONNEES

Plusieurs filtres ont été appliqués pour s'assurer de la qualité des données utilisées pour les différentes analyses. Seules les performances collectées entre 70 et 200 jours de lactation ont été utilisées, le début et la fin de lactation présentant une forte proportion de prédictions non fiables, compte tenu de la distance excessive entre ces spectres et la population des spectres de la population de calibration. Seuls les animaux présentant un minimum de deux performances par lactation ont été conservés pour les analyses. Les valeurs au-delà de 3 écarts-types autour de la moyenne ont été éliminées. Enfin, seules les performances issues de contrôles laitiers dont les protocoles incluent une traite le matin et une traite le soir ont été conservées.

Pour l'estimation des paramètres génétiques, seuls les cheptels ayant fourni au moins deux ans de données et ayant en moyenne au minimum 5 (ou 9 en races Holstein et Montbéliarde) animaux avec performance le même jour, dont 3 (ou 5 en races Holstein et Montbéliarde) animaux en première lactation, ont été conservés. Pour le calcul des corrélations génétiques avec les autres caractères en sélection et l'évaluation génomique, le nombre minimum d'animaux avec performance par cheptel était de 2.

## 1.4. ANALYSES GENETIQUES

Pour l'estimation des paramètres génétiques, les données de première lactation ont été utilisées, ainsi que celles de deuxième lactation lorsque l'animal présentait des performances en première lactation (Tableau 1). Les paramètres génétiques ont été estimés pour chacune des lactations et chacune des races à l'aide de modèles à répétabilité avec le logiciel Wombat (Meyer, 2007) :

$$y = X\beta + Za + Wpe + e$$

avec  $y$  le vecteur des performances,  $\beta$  le vecteur des effets fixes (troupeau  $\times$  jour de contrôle et trois effets définis intra lactation : année  $\times$  mois de vêlage, âge au vêlage et jour de lactation modélisé par les coefficients de Legendre d'ordre 3),  $a \sim N(0, A\sigma_a^2)$  le vecteur des valeurs génétiques avec  $A$  la matrice de parenté et  $\sigma_a^2$  la variance génétique additive,  $pe \sim N(0, I\sigma_{pe}^2)$  le vecteur des valeurs d'environnement permanent avec  $I$  la matrice identité et  $\sigma_a^2$  la variance d'environnement permanent, et  $X, Z$  et  $W$  les matrices d'incidence.

A partir des variances et covariances estimées, on déduit les estimations des écart-types génétiques, d'héritabilités et de corrélations génétiques entre les quatre caractères CH<sub>4</sub> et entre les lactations pour un même caractère CH<sub>4</sub>.

## 1.5. EVALUATION GENOMIQUE

Pour l'évaluation, les données de toutes les parités ont été utilisées (Tableau 1). L'évaluation génomique de toutes les races sauf la Holstein a été réalisée en utilisant les paramètres génétiques estimés en race Montbéliarde (race avec le plus d'effectifs et présentant la plus grande profondeur de données, et donc avec les estimations les plus fiables). L'évaluation génomique a été réalisée avec le logiciel HSSGBLUP (Tribout *et al*, 2020) en utilisant le même modèle que pour l'estimation des paramètres génétiques.

Les index obtenus ont été mis en forme en les divisant par l'écart-type génétique, en les centrant sur la base mobile (femelles avec performances nées entre 2016 et 2018) et en les inversant afin qu'un index positif corresponde à un animal faiblement émetteur (i.e. améliorateur).

## 1.6. CORRELATIONS GENETIQUES ENTRE CARACTERES METHANE ET AUTRES CARACTERES EN SELECTION

Seules les données de première lactation ont été utilisées pour estimer les corrélations génétiques avec les autres caractères en sélection (Tableau 1). Le modèle présenté en 1.4 a été implémenté dans Genokit (Ducrocq, 1998) pour estimer les effets fixes et ajuster les phénotypes pour les effets non génétiques pour chacun des quatre caractères CH<sub>4</sub>. Les corrélations génétiques entre les caractères CH<sub>4</sub> corrigés et moyennés et les autres caractères en sélection ont été estimées à l'aide du modèle bivarié suivant en utilisant le logiciel Wombat (Meyer, 2007) :

$$y = 1\mu + Za + e$$

avec  $y$  le vecteur des performances,  $\mu$  la moyenne,  $a \sim N(0, A\sigma_a^2)$  le vecteur des valeurs génétiques avec  $A$  la matrice de parenté et  $\sigma_a^2$  la variance génétique additive, et  $Z$  la matrice d'incidence.

## 2. RESULTATS

### 2.1. ESTIMATIONS DE PARAMETRES GENETIQUES

La description statistique des prédictions de CH<sub>4</sub> obtenues à partir des spectres MIR du lait moyennées intra race pour des vaches en première lactation est présentée dans le tableau 2. En moyenne (écart-type), toutes races confondues, les corrélations génétiques entre lactations sont de 0,91 (0,09) pour MeP\_direct, 0,89 (0,14) pour MeP\_indirect, 0,98 (0,03) pour MeP\_O et 0,96 (0,05) pour Mel. En moyenne (écart-type), toutes races confondues, les estimations d'héritabilité en première lactation sont de 0,35 (0,09) pour MeP\_direct, 0,21 (0,05) pour MeP\_indirect, 0,36 (0,11) pour MeP\_O et 0,33 (0,12) pour Mel. En moyenne (écart-type), toutes races confondues, les corrélations génétiques entre caractères CH<sub>4</sub> en première lactation sont de 0,54 (0,20) entre MeP\_direct et MeP\_O, de 0,39 (0,17) entre Mel et MeP\_indirect, de 0,28 (0,21) entre MeP\_direct et Mel, de 0,22 (0,19) entre MeP\_direct et MeP\_indirect et de 0,19 (0,11) entre MeP\_O et Mel et 0,19 (0,20) entre MeP\_O et MeP\_indirect en moyenne toutes races confondues. Les écart-types génétiques moyens toutes races confondues sont de 13,6 g/j pour MeP\_direct, 16,1 g/j pour MeP\_O, 18,8 g/j pour MeP\_indirect et 0,50 g/kg de PLC pour Mel.

### 2.2. EVALUATION GENOMIQUE

Les valeurs moyennes des CD pour les trois principales races (Holstein, Montbéliarde et Normande) varient entre 85 et 89 pour les taureaux génotypés avec descendance, entre 66 et 73 pour les femelles phénotypées et entre 47 et 59 pour les

**Tableau 1** Effectifs d'animaux utilisés pour les différentes analyses génétiques

Races	Paramètres génétiques	Evaluation génomique			Corrélations génétiques	
		Pedigree	Phénotypés (P)	Génotypés (G)		
Abondance	4 873	69 465	39 894	7 679	6 125	/
Brune	1 176	22 407	12 896	3 273	2 203	/
Holstein	187 274	2 226 970	1 187 762	177 717	124 867	258 717
Montbéliarde	176 166	1 110 134	715 404	167 228	151 861	177 118
Normande	15 986	239 754	109 825	34 468	21 527	19 401
Simmental	3 091	29 961	16 584	2 661	1 752	/
Tarentaise	2 058	25 355	14 645	4 153	3 088	/
Vosgienne	469	4 491	2 925	2 491	2 101	/

**Tableau 2** Description statistique des prédictions de méthane obtenues à partir des spectres MIR du lait moyennées intra race pour des vaches en première lactation

Caractère <sup>1</sup>	MeP_direct	Mel	MeP_indirect	MeP_O
Moyenne <sup>2</sup>	412	16,5	457	497
Ecart-type	12,8	0,37	76,0	21,1
Minimum	389	13,6	127	398
Maximum	424	14,5	366	459

<sup>1</sup>MeP\_direct, MeP\_indirect et MeP\_O exprimés en g/j, Mel exprimé en g/kg de PLC

<sup>2</sup>moyenne pondérée par les effectifs de chaque race

jeunes mâles typés de moins d'un an. Pour les cinq autres races, elles varient entre 75 et 90 pour les taureaux génotypés avec descendance, entre 67 et 71 pour les femelles phénotypées et entre 19 et 48 pour les jeunes mâles typés. Les index des taureaux génotypés avec descendance nés après 2012 sont stables en fonction des années de naissance pour MeP\_direct, MeP\_O et Mel. Seul MeP\_indirect présente une légère dégradation des index liée à l'augmentation du niveau laitier.

### 2.3. CORRELATIONS GENETIQUES AVEC LES AUTRES CARACTERES EN SELECTION

Les corrélations génétiques avec les autres caractères en sélection sont présentées en race Montbéliarde (Figure 1). Les résultats sont similaires pour les races Holstein et Normande. La corrélation génétique la plus élevée est de 0,7 entre MeP\_indirect et QL. Toutes les autres corrélations génétiques sont comprises entre -0,2 et 0,3 (caractères laitiers, santé de la mamelle, fertilité et morphologie).

### 3. DISCUSSION

Les corrélations génétiques entre lactations sont fortes (>0,89) et cohérentes avec les valeurs de 0,80 et 0,91 reportées dans la littérature (Manzanilla-Pech *et al.*, 2021, 2022). Ces corrélations génétiques sont suffisantes pour considérer la seconde lactation comme une répétition de la première, permettant ainsi de simplifier le modèle d'évaluation génétique.

Les corrélations génétiques faibles à modérées ( $\leq 0,66$ ) entre les quatre caractères CH<sub>4</sub> indiquent que ce sont des caractères génétiquement différents. Il semble alors essentiel de déterminer le ou les caractères CH<sub>4</sub> les plus pertinents à sélectionner, en se basant notamment sur les paramètres estimés pour chacun d'entre eux.

Les héritabilités estimées dans cette étude sont modérées pour les quatre caractères CH<sub>4</sub> (entre 0,21 et 0,36 en moyenne par caractère toutes races confondues) et donc favorables à la sélection de ces caractères. Les héritabilités pour les caractères en g/j sont cohérentes avec les héritabilités estimées pour des caractères CH<sub>4</sub> basés sur des mesures directes (entre 0,12 et 0,45, Pszczola *et al.*, 2017 ; Breider *et al.*, 2019) mais aussi pour des caractères CH<sub>4</sub> prédits à partir des spectres MIR du lait (0,25 et 0,27 pour Kandel *et al.*, 2017 et Vanrobays *et al.*, 2016, respectivement). L'héritabilité estimée pour Mel est parmi les plus élevées de la littérature,

avec des valeurs entre 0,12 et 0,18 reportées par Kandel *et al.* (2017) et Manzanilla-Pech *et al.* (2022), respectivement, tandis que Manzanilla-Pech *et al.* (2021) ont rapporté une héritabilité de 0,30.

Les résultats de l'évaluation génomique pilote montrent qu'il existe une variabilité dans les index, avec notamment des jeunes mâles améliorateurs sur les caractères méthane. Les CD des jeunes mâles sont satisfaisants, excepté pour les races Brune et Simmental. Dans ces deux races, la population de référence est plus réduite que pour les caractères usuels, du fait que l'information méthane n'est pas disponible chez les taureaux étrangers. Nous constatons une absence d'évolution génétique pour les caractères de méthane, ce qui montre que ces caractères n'ont pas été sélectionnés indirectement avec les objectifs de sélections récents. Cette observation est cohérente avec les corrélations génétiques obtenues avec les caractères actuellement en sélection.

Les corrélations génétiques sont faibles à modérées, exceptée la corrélation génétique entre MeP\_indirect et QL (0,70), qui était toutefois attendue au vu de la méthodologie utilisée pour obtenir la prédiction MeP\_indirect. Les corrélations génétiques de MeP\_direct et MeP\_O avec QL sont plus faibles que celles rapportées dans la littérature, variant entre 0,15 et 0,49 (Manzanilla-Pech *et al.*, 2021 ; Pszczola *et al.*, 2019 ; Breider *et al.*, 2019 ; López-Paredes *et al.*, 2020). Les corrélations génétiques défavorables entre les trois caractères CH<sub>4</sub> en g/j et les caractères de TB, de TP et de quantité de matière du lait, de fertilité et de cellules du lait sont faibles et cohérentes avec la littérature (Pszczola *et al.*, 2019 ; López-Paredes *et al.*, 2020 ; Kandel *et al.*, 2017). Nous avons estimé des corrélations génétiques variant de -0,03 à 0,28 entre les caractères CH<sub>4</sub> en g/j et les caractères de morphologie. Dans la littérature, des corrélations génétiques similaires ont été rapportées par Pszczola *et al.* (2019), bien que Zetouni *et al.* (2018) aient rapporté des corrélations génétiques variant entre -0,30 et 0,01. Les corrélations génétiques de Mel avec QL sont défavorables, de mêmes que celles avec les quantités de matière du lait, tandis que des corrélations génétiques favorables ont été rapportées par Kandel *et al.* (2017) et Manzanilla-Pech *et al.* (2021). A notre connaissance, nous avons obtenu les premières corrélations génétiques de Mel avec le TB et le TP (favorables), ainsi qu'avec les caractères de santé, de fertilité et de morphologie (défavorables).

### CONCLUSION

Les paramètres génétiques des quatre caractères CH<sub>4</sub> sont favorables pour le développement d'une évaluation génomique. La variabilité des index issus de l'évaluation montre qu'il existe des individus améliorateurs et qu'il est donc possible de mettre en place une sélection de ces caractères. Enfin, les corrélations génétiques avec les autres caractères en sélection sont globalement défavorables mais modérées, il est donc tout à fait envisageable d'intégrer un caractère CH<sub>4</sub> dans les objectifs de sélection totaux. Afin de confirmer ces résultats et d'estimer les conséquences de l'inclusion d'un caractère CH<sub>4</sub> dans les objectifs de sélection, il faudra réaliser des études de réponse à la sélection, qui permettront aussi d'estimer le poids à associer à ce nouveau caractère pour

réaliser les objectifs climat (réduction de 10% des émissions de CH<sub>4</sub> en 10 ans de sélection).

Les auteurs souhaitent remercier Jean-Pierre Allard et Guillaume Courtois pour le calcul des prédictions de méthane à partir des spectres MIR, ainsi que le Consortium OptiMIR pour la mise à disposition de l'équation de prédiction. Les auteurs remercient Valogène pour la mise à disposition des typages pour la recherche. Les auteurs remercient APIS-GENE pour le financement du projet Methabreed, ainsi que l'Association Nationale de la Recherche et de la Technologie et APIS-GENE pour le financement de la thèse MethaFor (Solène Fresco).

Beauchemin K.A., Ungerfeld E.M., Abdalla A.L., Alvarez C., Arndt C., Becquet P., Benchaar C., Berndt A., Mauricio R.M., McAllister T.A., Oyhantçabal W., Salami S.A., Shalloo L., Sun Y., Tricarico J., Uwizeye A., De Camillis C., Bernoux M., Robinson T., Kebreab E., 2022. J. Dairy Sci., 105, 9297-9326

Breider, I.S., Wall E., Garnsworthy P.C., 2019. J. Dairy Sci., 102, 7277-7281

Coppa M., Vanlierde A., Bouchon M., Jurquet J., Musati M., Dehareng F., Martin C., 2022. J. Dairy Sci., 104, 9271-9285

Ducrocq V., 1998. INRA GABI, June 2011 version

Dehareng F., Delfosse C., Froidmont E., Soyeurt H., Martin C., Gengler N., Vanlierde A., Dardenne P., 2012. Animal, 6, 1694-1701

Fresco S., Vanlierde A., Boichard D., Lefebvre R., Gaborit M., Bore R., Fritz S., Gengler N., Martin P., 2024. Animal, 18, 101200

Gerber P.J., Steinfield H., Henderson B., Mottet A., Opio C., Dijkman J., Falcucci A., Tempio G., 2013. Tackling climate

change through livestock – A global assessment of emissions and mitigation opportunities. FAO

Kandel, P.B., Vanrobays M.-L., Vanlierde A., Dehareng F., Froidmont E., Gengler N., Soyeurt H., 2017. J. Dairy Sci., 100, 5578-5591

Liu R., Hailemariam D., Yang T., Miglior F., Schenkel F., Wang Z., Stothard P., Zhang S., Plastow G., 2022. Animal, 16, 100469

López-Paredes J., Goiri I., Atwaerandio R., García-Rodríguez A., Ugarte E., Jiménez-Montero J.A., Alenda R., González-Recio O., 2020. J. Dairy Sci., 103, 7199-7209

Manzanilla-Pech C.I.V., Difford G.F., Løvendahl P., Stephansen R.B., Lassen J., 2022. J. Dairy Sci., S0022030222005860

Manzanilla-Pech, C.I.V., Løvendahl P., Mansan Gordo D., Difford G.F., Pryce J.E., Schenkel F., Wegmann S., Miglior F., Chud T.C., Moate P.J., Williams S.R.O., Richardson C.M., Stothard P., Lassen J., 2021. J. Dairy Sci., 104, 8983-9001

Meyer K., 2007. J. Zhejiang Univ. – Sci. B, 8, 815-821

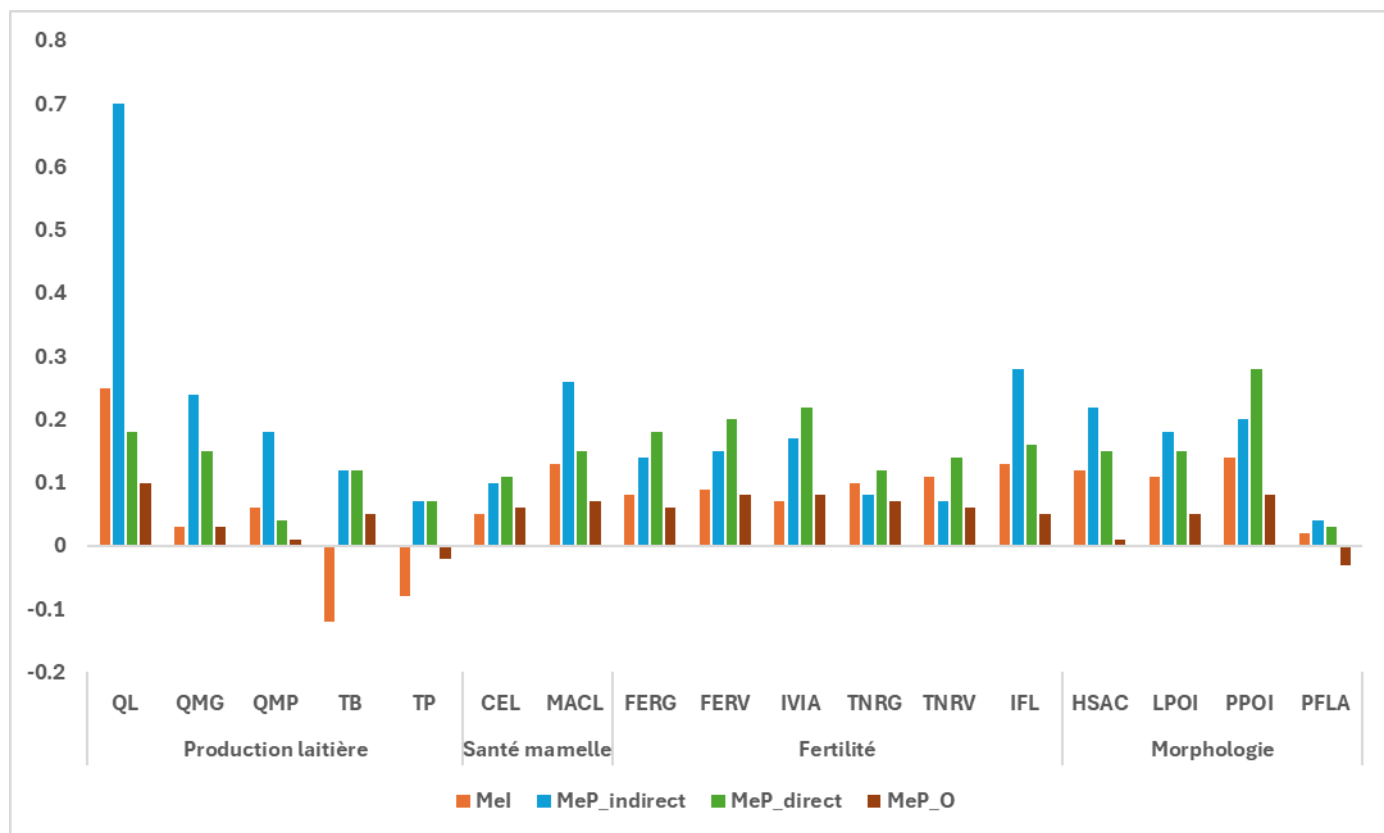
Nabuurs G.J., Mrabet R., Abu Hatab A., Bustamante M., Clark H., Havlik P., House, J. Ninan K.N., Popp S., Sohngen B., Towprayoon S., 2022. IPCC

Pszczola, M., Calus M.P.L., Strabel T., 2019. J. Dairy Sci., 102, 5342-5346

Tribout T., Ducrocq V., Boichard D., 2020. Proc. of the 6<sup>th</sup> ICQG

Vanlierde A., Dehareng F., Genler N., Froidmont E., McParland S., Kreuzer M., Bell M., Lund P., Martin C., Kuhla B., Soyeurt H., 2021. J. Sci. Food. Agric., 101, 3394-3403

Vanrobays, M.-L., Bastin C., Vandenplas J., Hammami H., Soyeurt H., Vanlierde A., Dehareng F., Froidmont E., Gengler N., 2016. J. Dairy Sci., 99, 7247-7260



**Figure 1** Corrélations génétiques entre les quatre caractères méthane et les caractères en sélection en race Montbéliarde (QL quantité de lait, QMG quantité de matières grasses, QMP quantité de matières protéiques, TB taux butyreux, TP taux protéique, CEL cellules, MACL mammites cliniques, FERG fertilité génisse, FERV fertilité vache, IVIA intervalle vêlage – IA, TNRG taux de non-retour génisse, TNRV taux de non-retour vache, IFL intervalle 1<sup>ère</sup> IA – IA fécondante, HSAC hauteur au sacrum, LPOI largeur de poitrine, PPOI profondeur de poitrine, PFLA profondeur de flanc)