

*Gestion des Elevages Expérimentaux
Ovins et Caprins*

Notice Utilisateur
Edition

Edition septembre 2010

Alain GAILLARD

Sommaire

Le Journal	3
Type Génétique.....	4
Les Codes	6
Utilisateurs et opérateurs.....	7
Extraction de données	8
<i>Construction d'une requête.....</i>	<i>8</i>
<i>Gérer les requêtes.....</i>	<i>14</i>
Types Génétiques INRA Ovins.....	16
Types Génétiques INRA Caprins.....	19
Les codes de réformes	20
<i>Mortalité Naissance (entre naissance et 48 heures).....</i>	<i>20</i>
<i>Codes Réforme et Mortalité des Adultes et des Jeunes nés vivants.....</i>	<i>20</i>
Les codes de pesée.....	22
Importer les données	23
<i>Résultats de Génotypage</i>	<i>23</i>
<i>Résultats autopsies (E.N.V.T.).....</i>	<i>26</i>
<i>Données Morphologie Mamelle.....</i>	<i>32</i>
Exporter des données	39
<i>Lien vers SIDEX</i>	<i>39</i>
<i>Laboratoire Economie Elevage (Clermont-Theix).....</i>	<i>43</i>

Le Journal

Cette rubrique permet d'afficher les comptes-rendus des opérations de mise à jour de la base. Les opérations concernées sont celles qui affectent les fichiers dans leur ensemble, c'est à dire les traitements dits «batch» qui sont effectués en différé (mi journée ou nuit). Les interventions manuelles de l'utilisateur ne sont pas mémorisées. En règle générale, il s'agit du traitement des fichiers reçus des appareils de saisie (automates, idlogger...), ou des fichiers d'importation de données (retour labo d'analyses, ...)

Opération	Date	Automate	Total	Ajoutés	Modifiés	Erronés	Alertes
Pesee	30/03/2009 11:05:09	A2	22	22		0	0
Labo	27/03/2009 20:30:17		48	48		0	
Palpation	27/03/2009 18:40:09		513	405		108	
Pesee	27/03/2009 14:05:08	A2	189	189		0	0
Labo	27/03/2009 13:54:19		120	120		0	
Traite	27/03/2009 10:13:40		96	96		0	
Debit	27/03/2009 10:13:40		2824	2824		0	

Le programme propose de consulter les opérations effectuées durant les trois derniers jours. Noter que la deuxième date proposée est **exclue** de la recherche.

Un double clic sur la ligne sélectionnée dans la grille donne accès directement au compte-rendu de l'opération, sur l'exemple le compte-rendu d'un retour d'analyses d'échantillons.

Ech	Traite du	M	Analysé le	TB	TP	CCS	Ano	MAJ	Fait le	Message
118	24/03/2009	S	26/03/2009	705	511	39		A	27/03/2009 13:54:19	Ajoute dans Traite Animal
119	24/03/2009	S	26/03/2009	728	517	59		A	27/03/2009 13:54:19	Ajoute dans Traite Animal
120	24/03/2009	S	26/03/2009	773	493	76		A	27/03/2009 13:54:19	Ajoute dans Traite Animal
121	25/03/2009	M	26/03/2009	413	544	22		A	27/03/2009 13:54:19	Ajoute dans Traite Animal
122	25/03/2009	M	26/03/2009	637	600	4712		A	27/03/2009 13:54:19	Ajoute dans Traite Animal
123	25/03/2009	M	26/03/2009	467	543	44		A	27/03/2009 13:54:19	Ajoute dans Traite Animal
124	25/03/2009	M	26/03/2009	414	491	40		A	27/03/2009 13:54:19	Ajoute dans Traite Animal
125	25/03/2009	M	26/03/2009	292	551	28		A	27/03/2009 13:54:19	Ajoute dans Traite Animal
126	25/03/2009	M	26/03/2009	516	449	67		A	27/03/2009 13:54:19	Ajoute dans Traite Animal
127	25/03/2009	M	26/03/2009	596	525	49		A	27/03/2009 13:54:19	Ajoute dans Traite Animal
128	25/03/2009	M	26/03/2009	634	568	57		A	27/03/2009 13:54:19	Ajoute dans Traite Animal
129	25/03/2009	M	26/03/2009	495	539	30		A	27/03/2009 13:54:19	Ajoute dans Traite Animal
130	25/03/2009	M	26/03/2009	437	584	15		A	27/03/2009 13:54:19	Ajoute dans Traite Animal
131	25/03/2009	M	26/03/2009	582	523	51		A	27/03/2009 13:54:19	Ajoute dans Traite Animal
132	25/03/2009	M	26/03/2009	428	516	21		A	27/03/2009 13:54:19	Ajoute dans Traite Animal
133	25/03/2009	M	26/03/2009	415	531	23		A	27/03/2009 13:54:19	Ajoute dans Traite Animal
134	25/03/2009	M	26/03/2009	405	511	381		A	27/03/2009 13:54:19	Ajoute dans Traite Animal
135	25/03/2009	M	26/03/2009	312	548	32		A	27/03/2009 13:54:19	Ajoute dans Traite Animal

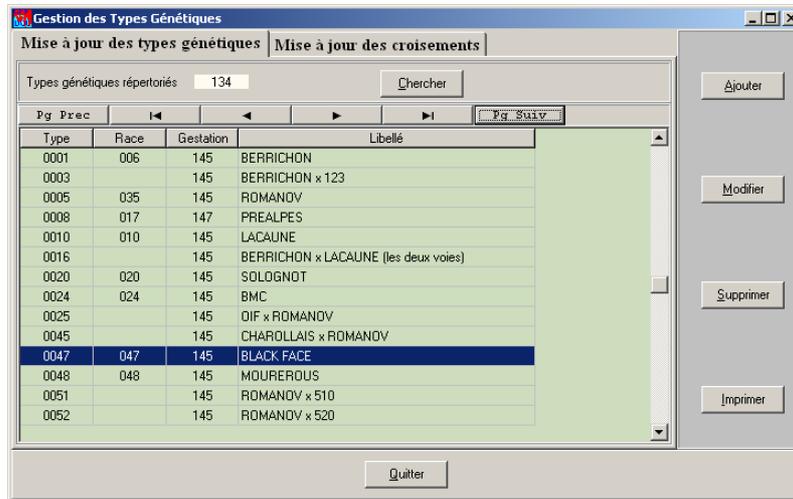
Type Génétique

Cette rubrique permet de gérer les types génétiques des animaux. Deux traitements sont regroupés dans cette procédure. Chacun d'eux est accessible en sélectionnant l'onglet correspondant.

- ⇒ [Définition des types](#)
- ⇒ [Définition des croisements](#)

Seul l'administrateur des données peut ajouter, modifier, supprimer soit un type, soit un croisement. Tous les autres utilisateurs ont accès en consultation.

a) Types génétiques



Le champ Race indique la correspondance entre le type génétique (interne INRA) et le code race du fichier National Racial. Les boutons "Ajouter" et "Modifier" donnent accès à l'écran ci-dessous.

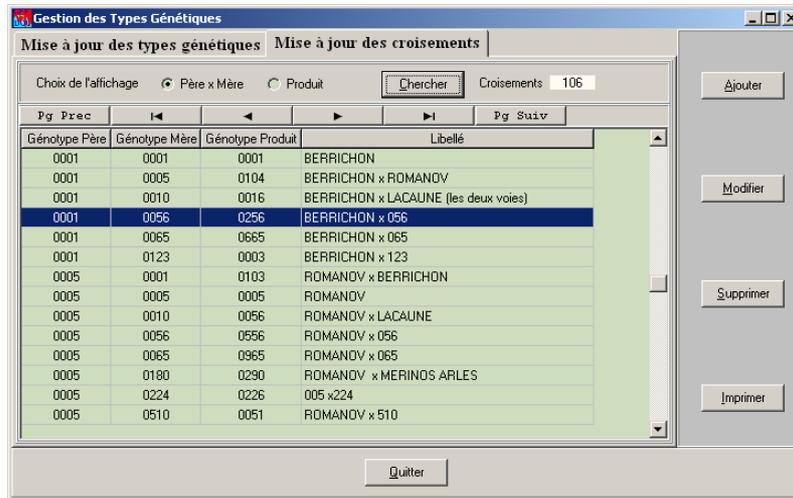
Type Génétique: 0020
Libellé*: SOLOGNOT
Durée de Gestations*: 145
Race: 020

Modifier Annuler

Le bouton affiché à gauche du bouton "Annuler" rappelle la demande. Le champ «Type Génétique» est accessible uniquement dans le cas de l'ajout. Les champs «Libellé» et «Durée de gestation» sont obligatoires. La «Race» doit être choisie dans la liste proposée, s'il existe une correspondance.

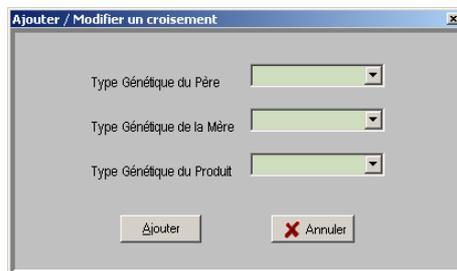
Pour consulter la liste complète, voir plus loin dans ce chapitre.

b) Croisements



Les boutons à cocher "**Père X Mère**" et "**Produit**" permettent de trier la liste des croisements affichée. Même procédure de traitement que pour le type génétique.

Les boutons "**Ajouter**" et "**Modifier**" donnent accès à l'écran ci-dessous. En modification, seul le «type produit» est accessible. Chacun des types génétiques doit être sélectionnée dans la liste proposée, y compris le type du croisement (type génétique produit), cela signifie que ce dernier doit être défini au préalable.

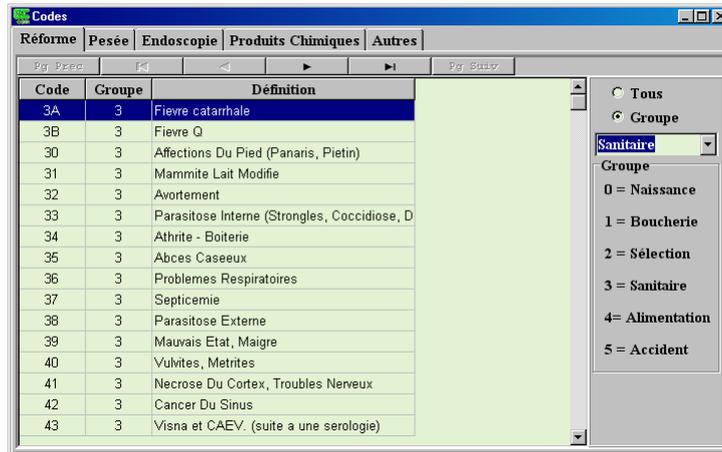


Pour consulter le tableau complet, voir «[croisements](#)» dans «Liste des informations» de la notice en ligne.

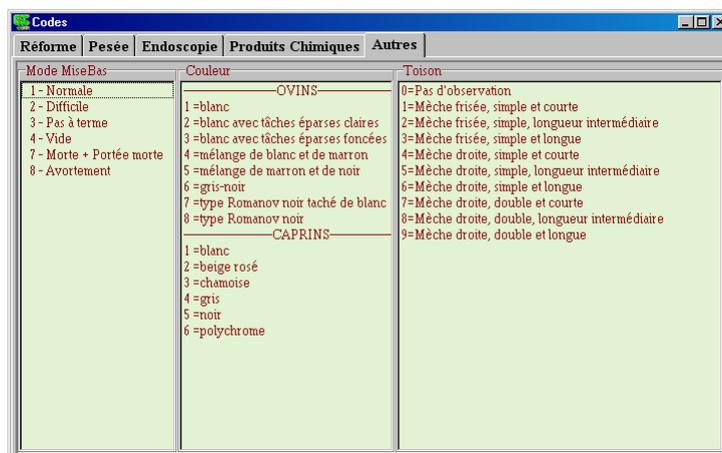
Les Codes

Cette rubrique permet de consulter les différents codes utilisés dans la gestion des données. Sélectionner l'onglet associé

- Réforme** Affiche les informations contenues dans la table «CODESREF». Le bouton Groupe permet de n'afficher que les codes associés au groupe choisi dans la liste proposée.



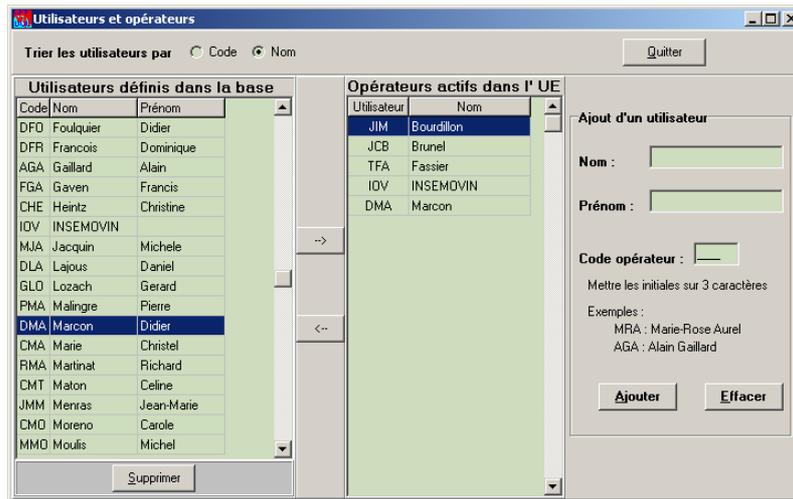
- Pesée** Affiche les informations contenues dans la table «DIC_PESEE».
- Endoscopie** Affiche les informations contenues dans la table «DIC_ENDOS». Le code endoscopie est une indication sur le "pourquoi" de l'endoscopie. A ce jour quatre types d'endoscopies sont définis.
 - ⇒ 01 Taux Ovulation sans saillie
 - ⇒ 02 Activité Ovarienne Naturelle
 - ⇒ 03 Mortalité Embryonnaire
 - ⇒ 04 Problème Physiologique
- Produits Chimiques.** Informations contenues dans la table «PROD_CHI».
- Autres.** Affiche les codes couleur, toison et mode de mise bas.



Pour consulter la liste complète des codes, voir plus loin dans ce chapitre.

Utilisateurs et opérateurs

On entend par "**utilisateur**" toute personne ayant accès à la base de données «Geedoc». Un "**opérateur**" est un utilisateur qui intervient sur un ou plusieurs élevages. Dans la grille de gauche sont présentés tous les utilisateurs définis dans la base, dans celle de droite, les opérateurs «actifs» dans l'unité.



a) Ajouter un utilisateur

Saisir le nom, le prénom et le code opérateur. Ce code ne doit pas exister dans toute la liste des opérateurs de la base (liste de gauche). Respecter si possible les conventions pour créer ce code (initiales de la personne, complétées par la deuxième lettre du nom si la personne a un prénom simple). Il faut absolument mettre trois caractères pour le code. Cliquer sur le bouton "**Ajouter**". L'opérateur est ajouté dans la liste des utilisateurs.

Le bouton "**Effacer**" remet les zones de saisie à «blanc».

b) Ajouter un opérateur

Pour cela, sélectionner l'opérateur dans la liste des utilisateurs et cliquer sur la flèche "vers la droite". L'opérateur apparaît maintenant dans la grille du milieu.

c) Retirer un opérateur

Sélectionner l'opérateur dans la grille du milieu et cliquer sur la flèche "vers la gauche". L'opérateur est retiré de la liste. Il redevient simple utilisateur. Il peut être actif dans une autre UE.

d) Supprimer un utilisateur

Sélectionner l'utilisateur dans la grille de gauche et cliquer sur le bouton "**Supprimer**".

Attention, si l'utilisateur a participé comme opérateur à une ou plusieurs opérations (IA, Endoscopies, etc.), la suppression sera refusée.

Extraction de données

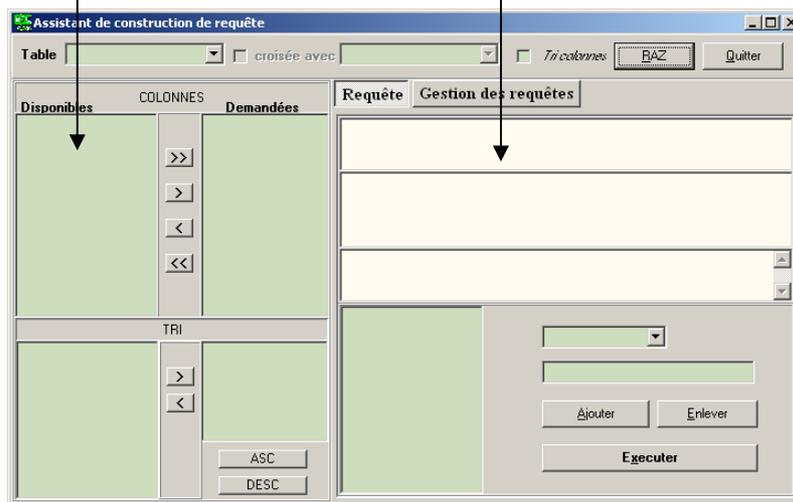
Dans certains menus de traitements, il est possible d'extraire (enregistrer) les données sélectionnées (inventaire, pesées, résultats de traire, etc..). Ces possibilités restent cependant limitées et ne répondent pas toujours aux besoins. L'"**Assistant de construction de requête**" permet de sélectionner des données suivant des critères définis par l'utilisateur. Bien sûr cet outil est très simplifié et ne permet pas de «tout faire». A cet égard, le plus délicat à gérer étant la "jointure des tables", il a été convenu de limiter le traitement à deux tables au maximum.

Le premier paragraphe "[Construction d'une requête](#)" décrit la façon de construire et exécuter une requête. Le suivant "[Gérer les requêtes](#)" décrit la façon de conserver et utiliser ultérieurement les requêtes exécutées.

Construction d'une requête

Panneau de sélection des champs à afficher

Panneau d'affichage de la requête



Panneau de tri

Panneau des critères de sélection

a) Requête sur une table

L'exemple qui suit montre comment construire une requête simple sur une seule table de données.

(i) Choisir la table



Chapitre Edition

Dès que la table de données est choisie, tous les champs de celle-ci s'affichent dans l'ordre demandé sous l'intitulé "**Colonnes Disponibles**". Ces champs s'affichent aussi dans le panneau des critères de sélection

Ne pas tenir compte de l'alias de la table qui est dans ce cas A. La première table est toujours appelée A.

Tri Colonnes. Cette case à cocher permet d'afficher les colonnes (champs) des tables dans l'ordre alphabétique. Si la case n'est pas cochée, alors les champs sont proposés dans l'ordre de création dans la table. Noter que le choix du tri doit se faire **avant** de sélectionner la (les) table(s).

Bouton RAZ. Il permet de tout réinitialiser («remettre à blanc»)

(ii) Sélectionner les champs à extraire



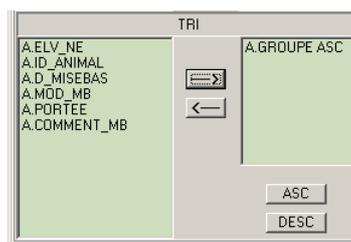
Sélectionner tous les champs.

Pour sélectionner tous les champs, cliquer sur la flèche double "vers la droite". L'ensemble des colonnes passe de Disponibles a Demandées. Pour désélectionner tous les champs, cliquer sur la flèche double "vers la gauche"

Sélectionner les champs un par un.

Pour sélectionner un champ, le choisir dans la liste de **gauche** et cliquer sur la flèche simple "vers la droite". Le champ passe de Disponibles a Demandées. Pour désélectionner un champ, le choisir dans la liste de **droite** et cliquer sur la flèche simple "vers la gauche".

(iii) Trier les données



Dans la fenêtre de gauche du **Panneau de tri** sont affichés tous les champs demandés. Sélectionner dans la liste celui pour lequel on veut trier et cliquer sur la flèche "vers la droite". Le champ passe dans la liste de droite. Inversement, la flèche "vers la gauche" enlève le champ sélectionné du tri.

Le tri proposé par défaut est "ASC" pour **ascendant**. Pour modifier l'ordre du tri sur un champ, le sélectionner dans la liste de droite et cliquer sur le bouton "**DESC**" pour **descendant**.

(iv) Construire la requête de sélection

Chapitre Edition

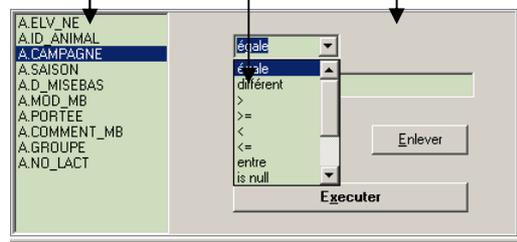
Dès que la table de données est choisie, le début de la requête est visualisé ainsi :



Elle indique que la recherche va se faire sur la table "MISEBAS" pour l'élevage de production, la production et l'espèce sur lesquels l'utilisateur est connecté. Ensuite, il faut construire la requête spécifique en s'aidant du **Panneau des critères de sélection**.

Attention Pour la table "ANIMAL" il n'y a aucune restriction (ni sur élevage ni sur production).

Les champs de la table Les opérateurs Saisir la ou les valeurs



Le format de la ou des valeurs à saisir dépend du champ choisi

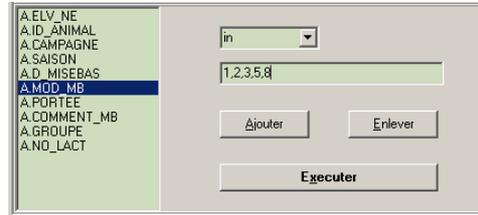


Opérateurs disponibles:

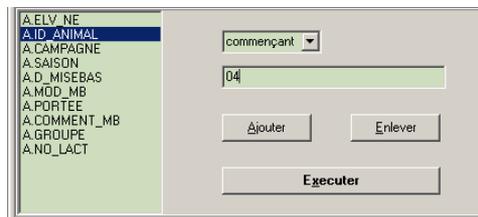
Opérateur	Nb de valeurs à saisir	Signification
égale	1	Egale à la valeur saisie
différent	1	Différent de la valeur saisie
>	1	Supérieur à la valeur saisie
>=	1	Supérieur ou égal à la valeur saisie
<	1	Inférieur à la valeur saisie
<=	1	Inférieur ou égal à la valeur saisie
entre	2	Compris entre deux valeurs
Is null	0	Dont le champ est nul (pas de valeur)
Is not null	0	Dont le champ n'est pas nul (avec valeur)
in	De 1 à n	Fait partie de la liste donnée
Not in	De 1 à n	Ne fait pas partie de la liste donnée
Commençant par	?	Commence par (champs alphanumériques)

Chapitre Edition

Pour indiquer une liste (opérateur **In** ou **Not In**), séparer les valeurs par des virgules; les valeurs doivent être au format décrit dans le document "Liste des informations et description des tables".

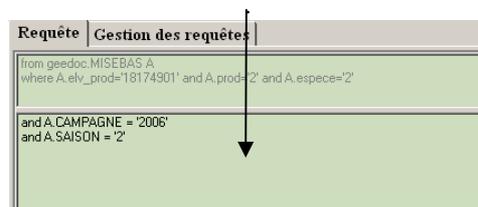


Pour obtenir les animaux d'un millésime on peut utiliser l'opérateur "**commençant par**".



Bouton Ajouter

Le critère de sélection que l'on a défini est visualisé dans la partie propre à l'utilisateur.



Les critères de sélection s'ajoutent ligne par ligne. Attention, le lien entre chaque critère est le **ET** logique (and). Il faut donc faire attention aux choix des critères. Ils ne doivent pas être contradictoires



Bouton Enlever

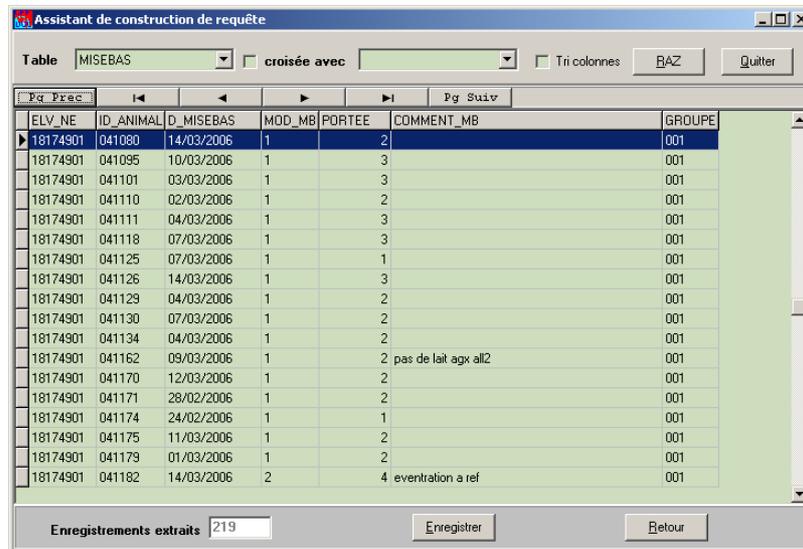
Pour supprimer un critère, se positionner sur la ligne en question (elle s'affiche en inverse vidéo), puis cliquer sur le bouton "**Enlever**".



Les champs proposés dans les critères de sélection sont indépendants des colonnes demandées.

Bouton Exécuter

Pour exécuter la requête, le programme contrôle au préalable le nombre d'enregistrements qui seront extraits. Un message demande alors de valider la sélection. Les données s'affichent suivant le tri demandé. Le nom des colonnes est identique au nom des champs (on peut modifier l'ordre des colonnes affichées par un simple "glisser poser").



ELV_NE	ID_ANIMAL	D_MISEBAS	MOD_MB	PORTE	COMMENT_MB	GROUPE
18174901	041080	14/03/2006	1	2		001
18174901	041095	10/03/2006	1	3		001
18174901	041101	03/03/2006	1	3		001
18174901	041110	02/03/2006	1	2		001
18174901	041111	04/03/2006	1	3		001
18174901	041118	07/03/2006	1	3		001
18174901	041125	07/03/2006	1	1		001
18174901	041126	14/03/2006	1	3		001
18174901	041129	04/03/2006	1	2		001
18174901	041130	07/03/2006	1	2		001
18174901	041134	04/03/2006	1	2		001
18174901	041162	09/03/2006	1	2	pas de lait agx all2	001
18174901	041170	12/03/2006	1	2		001
18174901	041171	28/02/2006	1	2		001
18174901	041174	24/02/2006	1	1		001
18174901	041175	11/03/2006	1	2		001
18174901	041179	01/03/2006	1	2		001
18174901	041182	14/03/2006	2	4	eventration a ref	001

- Le bouton **"Retour"** revient à l'écran de construction de requête. La requête qui vient d'être traitée reste accessible. On peut éventuellement la corriger en modifiant les critères de sélection et/ou les champs à visualiser.
- Le bouton **"Enregistrer"** permet de conserver les données affichées dans un fichier texte (séparateur virgule).

Le nombre maximum de données à extraire est fixé dans le paramètre "Max_Enrg" du fichier Geedoc.ini.

b) Requête sur deux tables

Note Les tables liées et les jointures sont prédéfinies par l'administrateur de données.

Choisir la première table, cliquer sur **"croisée avec"** puis choisir la seconde table dans la liste de droite



Chapitre Edition

Comme pour le traitement d'une seule table, tous les champs de chaque table s'affichent dans l'ordre demandé sous l'intitulé "**Colonnes Disponibles**". Ces champs s'affichent aussi dans le **panneau des critères de sélection**. Le préfixe "**A.**" désigne les champs de la première table, "**B.**" désigne les champs de la seconde table. Le début de la requête s'écrit ainsi:

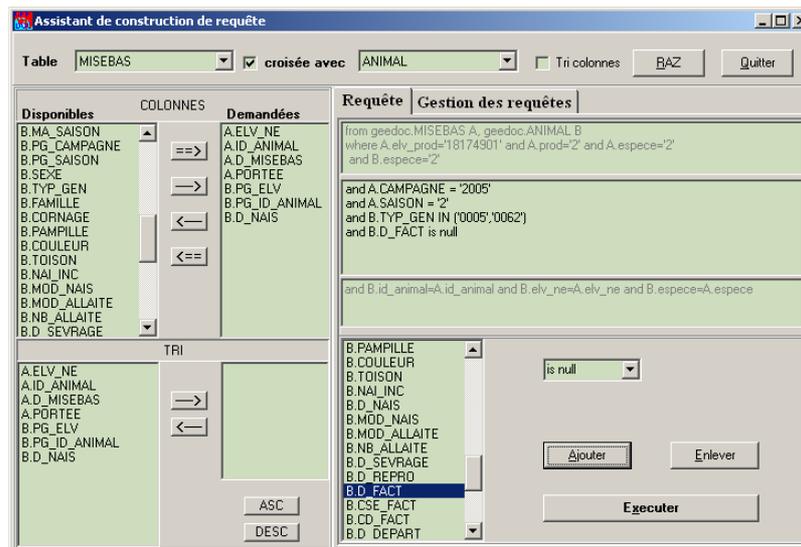
```
Requête | Gestion des requêtes
-----|-----
from geedoc.MISEBAS A, geedoc.ANIMAL B
where A.elv_prod='18174901' and A.prod='2' and A.espece='2'
and B.espece='2'
```

Elle s'interprète comme : lire dans la table «MISEBAS» (alias A) et dans la table «ANIMAL» (alias B).

La jointure prédéfinie (égalité des clés) est affichée dans le 3^{ème} rectangle.

```
and B.id_animal=A.id_animal and B.elv_ne=A.elv_ne and B.espece=A.espece
```

Le principe de la construction de la requête est le même que pour une seule table.



Dans cet exemple, ne sont visualisées que les femelles encore actives (*d_fact* is null) qui ont mis bas dans la campagne '2005', saison '2' et du type génétique demandé.

Céer les requêtes

La procédure d'extractions de données, permet de conserver les requêtes construites, et ainsi de pouvoir les utiliser ultérieurement. Le module de traitement est accessible grâce à l'onglet "Gestion des requêtes".



Le panneau affiché propose deux traitements sous la forme de boutons à cocher.

⇒ [Sauvegarde](#)

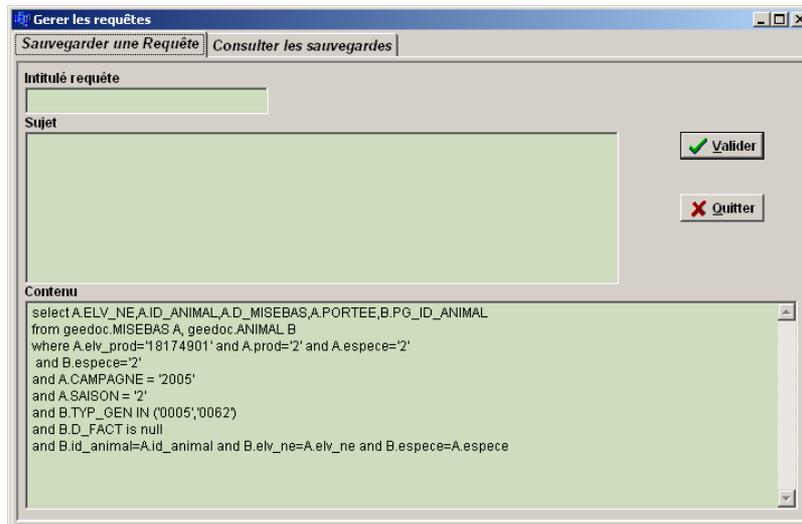
Règle On ne peut sauvegarder une requête que lorsqu'elle vient d'être exécutée.

⇒ [Chargement](#)

Permet de rappeler les requêtes sauvegardées ou de gérer celles-ci (corriger, effacer).

a) Sauvegarde

Si l'on reprend l'exemple précédent de requête sur deux tables, une fois celle-ci exécutée, la sélection de l'onglet de gestion puis du bouton sauvegarde, affiche la fenêtre ci-dessous (onglet "Sauvegarder une requête").



Intitulé requête

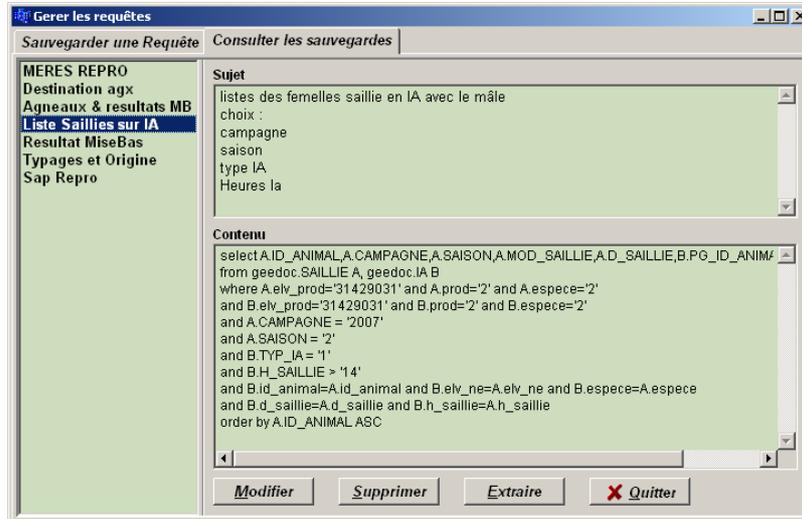
Zone de texte que l'on doit renseigner **obligatoirement**. Elle permet d'identifier la requête traitée. L'onglet "Consulter les sauvegardes" est accessible et permet de voir les requêtes déjà enregistrées (voir paragraphe suivant).

Sujet

Zone de texte non obligatoire. Elle permet d'expliquer le but recherché et de noter toute information utile. On peut ainsi, par exemple indiquer les variables à modifier pour une exécution future.

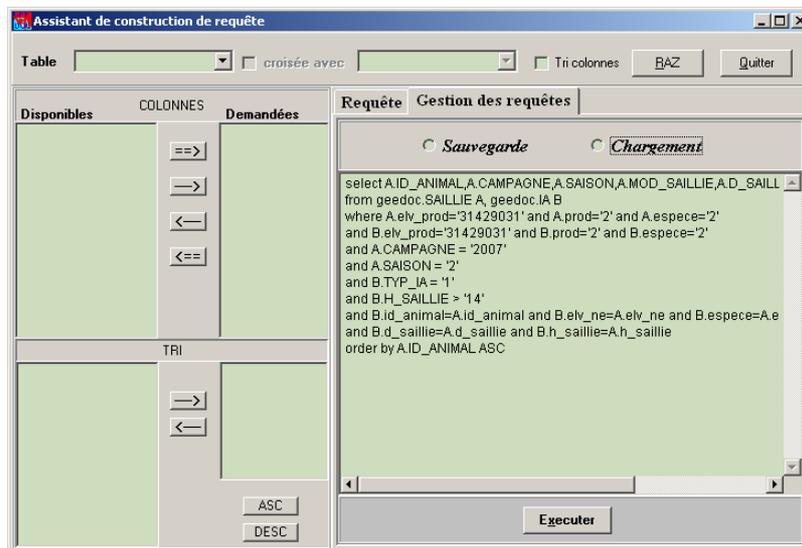
b) Chargement

Lorsque l'on coche le bouton «Chargement», l'écran suivant est affiché



On distingue trois fenêtres : Celle de gauche affiche la liste des requêtes enregistrées. La sélection d'un intitulé de la fenêtre de gauche met à jour le contenu des deux autres. La fenêtre "**Sujet**" décrit l'objet de la requête. La fenêtre "**Contenu**" affiche le corps de la requête.

- Bouton «Modifier»** Permet de corriger le sujet et le contenu de la requête sélectionnée.
- Bouton «Supprimer»** Supprime la requête sélectionnée.
- Bouton «Extraire»** Extrait la requête sélectionnée pour "exécution".



Types Génétiques INRA Ovins

Les croisements sont affichés **male x femelle**
Correspondance chaîne nationale dans la deuxième colonne

0001	006 BERRICHON	
0003	BERRICHON x 123	
0005	035 ROMANOV	
0008	017 PREALPES	
0010	010 LACAUNE	
0016	BERRICHON x LACAUNE (les deux voies)	
0020	020 SOLOGNOT	
0024	024 BMC	Blanche du Massif Central
0025	077 OIF x ROMANOV (les deux voies)	
0045	CHAROLLAIS x ROMANOV	
0047	047 BLACK FACE	
0048	048 MOUREROUS	
0051	ROMANOV x 510	
0052	ROMANOV x 520	
0056	ROMANOV x LACAUNE	½ Romanov Lacaune
0059	401 x 056 / 401 x 065	Absorption G1
0060	401 x 059	Absorption G2
0061	401 x 060	Absorption G3
0062	052 MANECH TETE NOIRE	
0065	LACAUNE x ROMANOV	½ Romanov Lacaune
0075	TEXEL x ROMANOV	
0077	077 ROMANOV x OIF	
0078	078 FSL	Frisonne-Sarde-Lacaune
0081	LACAUNE x FSL	
0085	PREALPES x ROMANOV	
0087	LACAUNE x 081	
0088	LACAUNE x 087	
0103	ROMANOV x BERRICHON	½ Berrichon Romanov
0104	BERRICHON x ROMANOV	½ Berrichon Romanov
0105	TEXEL Hollandais x ROMANOV	
0110	001 OIF	Ile de France
0120	012 TEXEL	
0121	TEXEL Hollandais	
0122	TEXEL Hollandais x 105	TEXEL Belge
0123	TEXEL Belge x ROMANOV	
0128	TEXEL x MERINOS D'ARLES(les deux voies)	
0130	013 SUFFOLK	
0131	131 MARTINIK	i.e chaîne nationale
0140	004 CHARMOIS	
0150	002 CHAROLLAIS	
0160	041 VENDEEN	
0170	043 ROUGE DE L'OUEST	
0175	R. OUEST x ROMANOV	

Chapitre Edition

0180	016	MERINOS D'ARLES	
0185		MERINOS ARLES x ROMANOV	½ Mérimos Romanov
0190		BOORoola	
0195		BOORoola x ROMANOV	½ Booroola Romanov
0216		016 x LACAUNE	
0217		224 x 216	
0218		016 x 216	
0219		224 x 010	
0220		LACAUNE x 016	
0221		BERRICHON x 224	Berrichon croisé F2 Texel-Romanov
0223		123 x ROMANOV	
0224		123 x 123	F2 Texel-Romanov
0225		224 x 005	F2 Texel-Romanov croisé Romanov
0226		005 x 224	
0227		225 x 005	
0245		BMC x ROMANOV	
0251		BERRICHON x 104	
0252		ROMANOV x 104	
0256		BERRICHON x 056	
0262		401 x ROMANOV	
0280		OIF x MERINOS ARLES	
0281		MERINOS ARLES x 280	
0285		OIF x 290	
0290		ROMANOV x MERINOS ARLES(les deux voies)	
0324		224 x 123	
0325		224 x 224	
0326		123 x 224	
0384		530 x 290	
0385		MERINOS ARLES x 290	
0401	064	INRA 401	INRA 401
0411		BERRICHON x 401	
0421		401 x SOLOGNOT	
0422		OIF x 401	
0431		MARTINIK x 941	
0432		MARTINIK x 401	B.C. Martinik – 401
0441		VENDEEN x 401	
0447	099	BLACK FACE x 401	
0451		TEXEL Belge x 401	
0452		451 x 451	
0456		CHARMOIS x 056	
0461		ROUGE OUEST x 401	
0465		CHARMOIS x 065	¼ Romanov ¾ Berrichon
0471		CHAROLLAIS x 401	¼ Berrichon ¾ Romanov
0502		BOORoola x 510	
0503		BOORoola x 520	
0510		BOORoola x MERINOS ARLES	½ Booroola Mérimos
0512		BOORoola x 502	
0520		MERINOS ARLES x 510 (les deux voies)	¾ Mérimos
0525		520 x 530	

Chapitre Edition

0529	520 x 540 ou (529 x 529)	
0530	116 MERINOS ARLES x 520 (les deux voies)	7/8 Mérinos
0532	MERINOS ARLES x 502	
0535	116 540 x 530 ou (529 / 530) x 540	
0540	116 MERINOS ARLES x 530 (les deux voies)	15/16 Mérinos
0550	MERINOS ARLES x 540 (les deux voies)	
0556	ROMANOV x 056	
0561	OIF x 510	
0562	OIF x 520	
0563	OIF x 530	
0564	OIF x 540	
0565	OIF x 550	
0601	BOORoola x ROMANOV	
0602	601 x ROMANOV	
0603	602 x ROMANOV	
0604	603 x ROMANOV	
0605	604 x ROMANOV	
0606	605 x ROMANOV	
0607	606 x ROMANOV	
0608	607 x ROMANOV	
0609	BOORoola NON TYPE	NON TYPE
0610	BOORoola ++	++
0611	BOORoola B+	B+
0612	BOORoola BB	BB
0623	123 x 609	F1 Texel-Romanov croisé Booroola-Romanov
0624	451 x 609	F1 Texel-401 croisé Booroola-Romanov
0665	BERRICHON x 065	
0684	604 x MERINOS ARLES	
0689	609 x MERINOS ARLES	
0754	LACAUNE x 540 ou 754 x ???	
0756	LACAUNE x 056	3/4 Lacaune
0765	LACAUNE x 065	3/4 Lacaune
0802	PREALPES x 502	
0810	PREALPES x LACAUNE	
0818	PREALPES x MERINOS ARLES	
0824	PREALPES x BMC	
0825	PREALPES x 824	Préalpes croisé PréAlpes-Bmc
0829	PREALPES x 290	
0851	PREALPES x 510	
0852	PREALPES x 520	
0853	PREALPES x 530	
0854	PREALPES x 540	
0905		
0915		
0916		
0941		
0942		
0943		
0944		

0945		
0946		
0960		
0965		ROMANOV x 065
0992	092	999 x ROMANOV
0995	095	ROMANOV x 999
0999	099	INDETERMINES ou VARIES

Types Génétiques INRA Caprins

0011	11	SAANEN
0013	13	ALPINE
0039	39	CROISE
0052	52	CREOLE
0153		CREOLE x ALPINE F1
0154		CREOLE x CROISEE F1
1153		CROISE CREOLE x CROISE CREOLE F2
1160		(CREOLE x ALPINE F1) x ALPINE
1161		(CREOLE x ALPINE F1) x CROISEE
1162		(CREOLE x CROISEE F1) x ALPINE
1163		(CREOLE x CROISEE F1) x CROISEE
1164		(femelle F1 CREOLE X ALPINE) x ALPINE
1165	39	(F1 CREOLE x ALPINE) x CROISEE

Les codes de réformes

Mortalité Naissance (entre naissance et 48 heures)

01	Avorton
02	Mort-né
03	Mort a la naissance
04	Mort Quelques heures après

Codes Réforme et Mortalité des Adultes et des Jeunes nés vivants

Boucherie(1)	05	Abattu avec contrôle de carcasse
	06	Abattu sans contrôle de carcasse
	07	Abattu ou vendu hors expérimentation
	08	Vendu au sevrage
	09	Vente boucherie
	95	Spécial Langlade
Sélection(2)	10	Fin expérimentation
	11	Conformation Insuffisante (Défauts d'aplombs)
	12	Développement (mauvaise croissance)
	13	Malformation (dent, malformation génitale)
	14	Stérilise male + vide
	15	Production laitière insuffisante (Index, Mortalité d'agneaux)
	16	Age
	17	Comportement mère – agneau
	18	Mamelle – lait 1 quartier, induration, nodules, déséquilibre
	19	Cellules somatiques trop élevées
	20	Difficile a traire et débit faible
	21	Vente reproducteur
	22	Vasectomie ou ovariectomie
	23	Tarie
24	Equarrissage	
25	Infestation expérimentale	
26	Euthanasie	
27	Euthanasie pour prelevements	
28	Experimentation	
29	Divers	
Sanitaire(3)	30	Affections du pied (panaris, piétin)
	31	Mammite lait modifie
	32	Avortement
	33	Parasitose interne (strongles, coccidiose, douve)
	34	Arthrite – boiterie

Chapitre Edition

	35	Abcès caséeux
	36	Problèmes Respiratoires (pulmonaire et para tuberculose)
	37	Septicémie
	38	Parasitose externe
	39	Mauvais état, maigre
	3A	Fièvre catarrhale
	3B	Fièvre Q
	40	Vulvites, métrites
	41	Nécrose du cortex, troubles nerveux
	42	Cancer du sinus
	43	Visna et caev. (suite a 1 sérologie)
	44	Signes cliniques visna meadi
	45	Border (suite a 1 sérologie)
	46	Agalaxie
	47	Affection rénale
	48	Tremblante
	49	Divers
Alimentaire(4)	50	Listériose, suspicion (signes cliniques)
	51	Listériose après analyses
	52	Lithiase – orchite
	53	Raide – paralysie – tétanie
	54	Météorisation
	55	Diarrhée
	56	Entérotoxémie
	57	Acidose
	58	Toxémie de gestation
	59	Inadapté a l'aa
	60	Chétif, inanition, faible
	61	Empoisonnement de l'agneau (lait mère non consommable)
	62	Indigestion par surcharge
	69	Divers
Accident(5)	70	Anus retourne, prolapsus vaginal
	71	Suite mise bas (infection, césarienne, hémorragie, éventration)
	72	Congestion
	73	Fracture – blessure
	74	Eventration
	75	Stress (arrêt cardiaque)
	77	Intempéries
	78	Vipères
	79	Attaque prédateur
	80	Vol

Chapitre Edition

81	Absent a l'effectif
82	Accident expérimental
83	Empoisonnement (lié a un acte technique)
84	Mort étouffé
85	Mort sur le dos
86	Noyé
87	Résorbé
89	Divers

Les codes de pesée

	<u>Evénement</u>
04	Sevrage des jeunes
08	Vente reproducteur
09	Départ abattoir
10	Mise en lot de lutte
11	Mise bas
12	Pâturage
13	Après mise bas (entrée fertilises
14	Fin d'été
15	Pesée a 6 mois
16	Debut complémententation
17	Sevrage des mères
18	Pesée avant mise bas
19	45 jours avant mise bas
23	Tarissement
91	Futur Reproducteur Male
92	Futur Reproducteur Femelle

Importer les données

Résultats de Génotypage

a) Objet

L'objet de cette procédure est la mise à jour de la table «GENOTYPE». Cette mise à jour ne se fait pas directement depuis l'interface utilisateur, mais par des procédures exécutées sur le serveur (DGA5), tel que cela se fait pour les retours de chantiers (le compte-rendu de l'opération est consigné dans le «journal»).

Les différentes origines des résultats sont autant de formats de données différents. Pour ne pas multiplier les procédures de traitement, et ne se limiter qu'à une seule, cette rubrique va permettre de construire un fichier de type «texte» unique, indépendamment de l'origine.

Pour cela, l'utilisateur devra définir entièrement les zones de lecture (position et longueur des variables) des informations nécessaires, c'est-à-dire l'identification de l'animal et les deux allèles.

b) Mise en œuvre

L'appel de la procédure se fait depuis le menu «**Importer**», dans la rubrique «**Résultats Génotypage**». L'écran affiché se présente comme ci-dessous, dans lequel on distingue plusieurs zones.

■ A gauche, en haut trois listes déroulantes concernant le génotype, l'origine des résultats et le type de calcul.

The top screenshot shows the 'Identification animal' section. It includes a dropdown for 'Génotype traité', a dropdown for 'Origine information' (with a list: LABOGENA, MAPGENA, INMOL, ENVT, LANGLADE, LDA-CHER, LDA-TOURAINA, LGC), and a dropdown for 'Type de calcul'. To the right, there are three radio buttons: 'Numéro Boucle', 'Naisseur+Numéro', and 'Numéro IPG'. Below these are input fields for 'Naisseur' (Début, Longueur) and 'Numero' (Début, Longueur). At the bottom, there are two sections for 'Allele 1' and 'Allele 2', each with 'Début' and 'Longueur' input fields.

The bottom screenshot shows the 'Analyse' section. It has the same dropdowns as the top one. The 'Type de calcul' dropdown is set to 'Analyse', and there is a 'Dédit' input field below it. The 'Identification animal' section is also visible, with the 'Numéro Boucle' radio button selected and a 'Longueur' field set to '6'.

■ A droite, en haut les informations à saisir, liées au données à lire.

L'identification de l'animal peut se faire de trois façons. Par le numéro de **boucle**, dans ce cas la longueur est prédéfinie à 6 caractères, sur le **numéro complet** (naisseur et numéro) ou bien sur le **numéro 'IPG'**, nouvel identifiant en fonction depuis la campagne 2006, dans ce cas la longueur est prédéfinie à 11 caractères.

Le choix de l'identifiant se fait en sélectionnant le « bouton » associé.

■ En bas, la fenêtre d'affichage du compte-rendu du traitement.

c) Bouton «Traiter»

Après avoir contrôlé la présence des paramètres, le programme propose une boîte de dialogue qui permet de sélectionner le fichier à traiter.

Dans le cas d'une identification sur le numéro de boucle, le programme vérifie l'existence de l'animal dans l'élevage de production en cours. Le compte-rendu du traitement est affiché dans la fenêtre, comme indiqué ci-dessous. De plus, en fin de traitement, la procédure propose de transférer immédiatement le fichier créé (voir plus loin transfert FTP).

The screenshot shows the 'GENOTYPAGE - Importer les données' dialog box. The 'Génotype traité' is 'PRP', 'Origine information' is 'LABOGENA', and 'Type de calcul' is 'Analyse'. The 'Identification animal' section has 'Numéro Boucle' selected. The 'Naisseur' field has 'Début' 12 and 'Longueur' 8. The 'Numero' field has 'Début' 20 and 'Longueur' 6. 'Allele 1' has 'Début' 34 and 'Longueur' 3. 'Allele 2' has 'Début' 38 and 'Longueur' 3.

The bottom section shows a list of data rows:

ID	Génotype	Origine	Numéro	ARR	ARQ	AGA	AJ
2231429031PRP	LABOGENA	31429031032149	ARR	ARQ	AGA	AJ	
2231429031PRP	LABOGENA	31429031011179	ARR	ARR	AGA	AJ	
2231429031PRP	LABOGENA	31429031032122	ARR	ARQ	AGA	AJ	
2231429031PRP	LABOGENA	31429031040606	ARR	ARQ	AGA	AJ	
2231429031PRP	LABOGENA	31429031040599	ARR	ARQ	AGA	AJ	

Below the list, it says '08/08/2008 Fin (81 écrits)' and 'Fichier cree C:\GEEDOC\GEN_PR_2231429031-20080808_2.goc'. At the bottom, there are three buttons: 'Traiter' (checked), 'Transfert FTP', and 'Quitter'.

Chapitre Edition

Note Janvier 2009. Dans le cas de données d'origine 'LABOGENA', il est possible que la zone Allele1-Allele2 soit utilisée en 'commentaires' dans le cas de problème à la détermination du génotype. Pour ne pas prendre en compte ces animaux là, il faut s'assurer que les deux allèles indiqués dans le fichier à lire, sont séparés par le caractère « / ».

Le compte-rendu du traitement est conservé dans le fichier identifié **C:\GEEDOC\SAUV\ImportGENOTYPE_jjmmaa.LOG**, dans lequel *jjmmaa* représente le jour du traitement.

d) Format du fichier généré

Le fichier constitué est stocké dans le répertoire **C:\GEEDOC** avec une identification précise de la forme

GEN_zzz_xxyyyyyyyy-aaaammjj_r.goc

Dans lequel

- ⇒ **zzz** représente l'identification du génotype traité.
- ⇒ **xx** représente espèce et production
- ⇒ **yyyyyyyy** représente le numéro du domaine (élevage) de traitement
- ⇒ **aaaammjj** le jour du traitement de la création du fichier.
- ⇒ **r** le numéro du fichier (1,2,..)

Préfixe

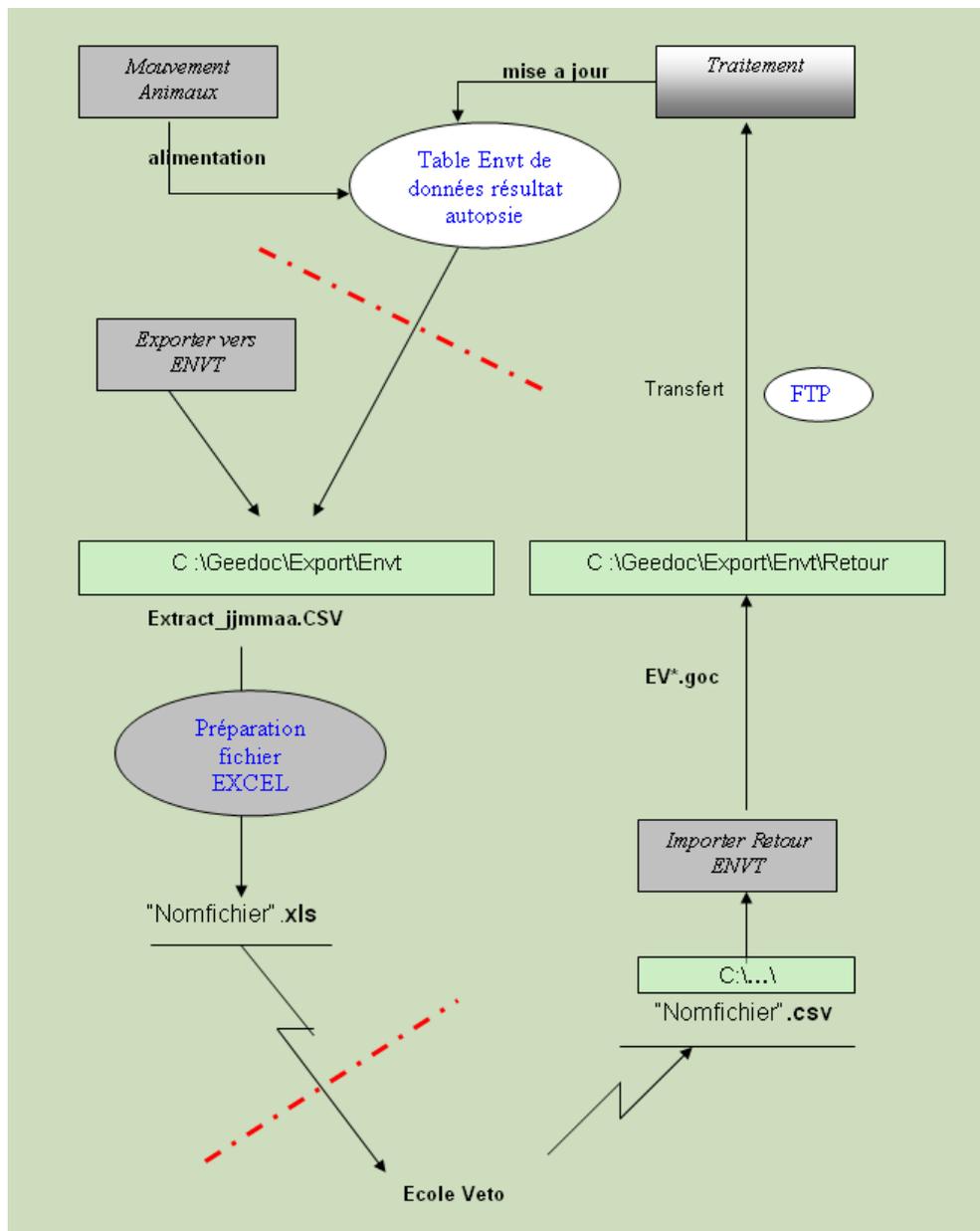
Espèce (1)-Production (1)-Elevage de Traitement (8) (col 1 - 10)

<u>Information</u>	<u>Pos</u>	<u>Lgr</u>
Génotype	11	10
Origine	21	20
Naisseur Animal	41	8
Numéro Animal	49	6
Allele1	55	5
Allele2	60	5
Opérateur	65	3
	68	1 -
Type de calcul	69	1
	70	1 /

e) Transfert FTP

Permet de transférer le fichier précédemment créé vers la base de données, où la procédure de mise à jour de la table sera mise en route. Le fichier est sauvegardé dans le répertoire **C:\GEEDOC\SAUV** après son transfert.

Résultats autopsies (E.N.V.T.)



La procédure d'échanges de données avec l'école vétérinaire est modifiée (mars 2008).

Il n'y a désormais plus de liaison vers l' E.N.V.T. En outre la table «ENVT» est modifiée de façon à stocker de nouvelles informations associées aux résultats d'autopsie.

La variable «histo» est renommée en «histo_tble», «ihc_ileon» en «ihc_plexmy». Les variables «ihc_nileal» et «typ_infection» (type d'infection) ne sont plus renseignées.

a) Mouvement Animaux.

La table "ENVT" de la base de données GEEDOC, est alimentée (en effectif) par l'unité expérimentale. Cette opération se fait depuis la rubrique "Envoyer des animaux" du menu "Mouvements". Lorsque le destinataire choisi est l'ENVT l'écran suivant est affiché

Le numéro de boucle de l'animal traité est rappelé ainsi que la date de départ. Il faut préciser

L'état de l'animal au départ, à choisir dans la liste proposée c'est-à-dire

- ✓ Vivant
- ✓ Mort entier
- ✓ Mort tête

Dans ces deux derniers cas il faut indiquer la date de mort (un contrôle de validité est effectué).

⇒ Si des signes de tremblante ont été observés sur l'animal, indiquer la date d'observation.

⇒ Une zone de commentaires est désormais disponible et permet de noter toute observation utile concernant l'animal traité (zone *Remarques*).

Bouton «Valider»

La validation de l'information va créer un enregistrement dans la table ENVT, et l'animal traité sera, bien entendu, considéré comme sorti de l'élevage (champ "*d_sortie*" de la table «PRESENT»). Lorsque l'animal est déclaré mort, la table «ANIMAL» est mise à jour. Le champ "*d_depart*" conserve la date de mort, le champ "*cse_depart*" reçoit 2 et le champ "*cd_depart*" est mis «à blanc» (pas de code mortalité).

Noter que la validation rend l'animal traité inaccessible, il n'apparaît qu'en consultation de la table «ENVT».

b) Traitement du retour des données.

L'appel de la procédure se fait à partir du menu «**Importer des données**», dans la rubrique «**Résultats Autopsies**». L'écran affiché se présente comme ci-dessous, la grille contenant les informations est vide.

Bouton «Lire les données»

Le programme va afficher une boîte de dialogue, dans lequel l'utilisateur doit sélectionner le fichier reçu de l'école vétérinaire (il doit le rechercher dans l'arborescence des répertoires). Ce fichier doit avoir obligatoirement l'extension **csv**. Le fichier est analysé et les variables extraites sont affichées dans la grille comme l'indique la figure, ainsi que le nombre d'animaux traités (Total).

Boucle	Arrivée	Etat	Mort	Typ	Patho8	Anapath	Histo_Tre	Tronc	Plexmy	Lymph	TCC	Histo_Au
000216	12/01/2007	mort	12/01/2007	mort	07-52	07T04	Non réali	Négatif	Négatif	Négatif		
000322	05/01/2007	vivant	05/01/2007	euthanasi	07-16	07T02	Négatif	Négatif	Négatif	Négatif		Histologi
000861	15/10/2007	mort	15/10/2007	mort	07-1135	07T123	Non réali	Positif	Positif	Positif		Quelque
000863	12/03/2007	vivant	22/03/2007	mort	07-366	07T26	Douteux	Positif	Positif	Négatif		Néant
000864	05/04/2007	mort	05/04/2007	mort	07-502	07T52	Positif	Non réal	Non réa	Non réa	Tremblante confirm	Néant
000893	07/06/2007	vivant	15/06/2007	mort	07-721	07T79	Non réali	Positif	Positif	Négatif		Poumon
010668	14/03/2007	mort	14/03/2007	mort	07-379	07T32	Douteux	Positif	Positif	Négatif		Néant
010747	12/02/2007	mort	12/02/2007	mort	07-216	07T15	Non réali	Positif	Positif	Négatif		rares gre
010820	13/02/2007	vivant	14/02/2007	euthanasi	07-223	07T21	Non réali	Positif	Positif	Négatif		Néant
010861	18/10/2007	vivant	18/10/2007	euthanasi	07-1151	07T122	Douteux	Positif	Positif	Négatif		Néant
011055	14/03/2007	mort	14/03/2007	mort	07-378	07T33	Positif	Non réal	Non réa	Non réa	Tremblante confirm	Néant
011349	01/03/2007	vivant	01/03/2007	euthanasi	07-309	07T25	Douteux	Positif	Positif	Négatif		Néant
015530	02/02/2007	vivant	07/02/2007	mort	07-175	07T16	Non réali	Négatif	Négatif	Négatif		Néant
020183	30/03/2007	mort	30/03/2007	mort	07-473	07T43	Non réali	Négatif	Négatif	Négatif		Néant
020335	26/03/2007	mort	26/03/2007	mort	07-436	07T39	Non réali	Positif	Positif	Positif		Néant

Format du fichier reçu

Chaque enregistrement contient les informations dans l'ordre présenté ci-dessous et séparées par un « ; ».

- Numéro de Boucle
- Arrivée Ecole (D_ARRIVEE)
- Etat a l'arrivée (E_ARRIVEE)
- Date de mort (D_MORT)
- Type de mort (TYP_MORT)
- Numéro Pathologie (PATHOB)
- Numéro Anapath (ANAPATH)
- Histologie tremblante (HISTO_TBLE)
- IHC tronc cérébral (IHC_TRONC)
- IHC plexmy (IHC_PLEXMY)
- IHC lymphoïde (IHC_LYMPH)
- Tremblante clinique confirmée (TCC)
- Histologie autre (HISTO_AUTRE)
- Conclusions nécropsiques (CCL_NECROP)

Le premier enregistrement (qui contient les noms des variables) doit commencer par «**boucle;**». **Noter** qu'hormis la reconnaissance de ce champ, cet enregistrement n'est pas utilisé.

Bouton «Enregistrer»

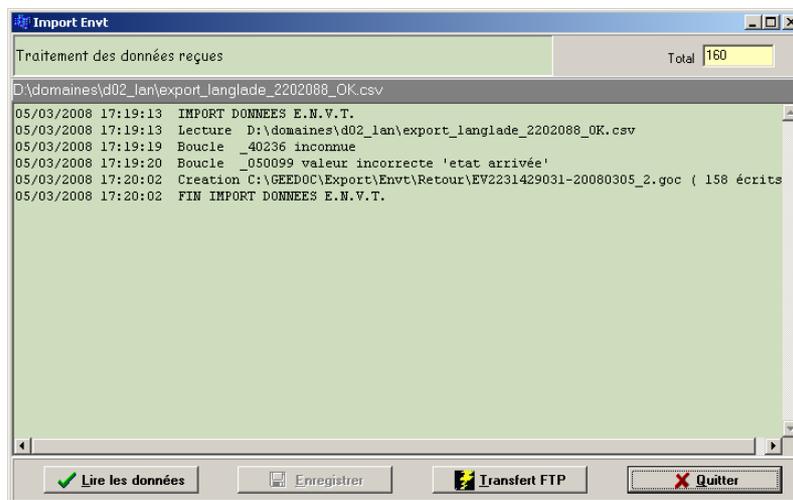
Il permet de lancer la création du fichier destiné à la base de donnée, pour une mise à jour ultérieure de la table ENVT. Cette création s'accompagne de contrôles.

- ✓ Les numéros de **boucle** doivent être reconnus.
- ✓ Les animaux sans **date d'arrivée** notée sont **signalés**
- ✓ Les animaux sans aucune information **d'autopsie** notée sont aussi **signalés**.

Certaines variables seront codifiées à partir des mots clés rencontrés

- ⇒ Etat de l'animal à l'arrivée «mort» devient « **M** », «vivant» devient « **V** ».
- ⇒ Type de mort est « **E** » si «euthanasie», et « **N** » sinon
- ⇒ Résultats d'histologie
 - « + » pour «Positif»,
 - « - » pour «Négatif»,
 - « **D** » pour «Douteux»,
 - « **P** » pour «Perdu»,
 - « **ND** » pour «non déterminé ».
- ⇒ Tremblante clinique confirmée. L'information «tremblante confirmée» est seule prise en compte et devient «**O**» (pour "oui").

Noter que les mots clés peuvent être écrits indifféremment en majuscule, minuscule, accentués ou non.



Le compte-rendu du traitement est affiché dans la grille, il signale les anomalies. Toutes ces informations sont copiées dans un fichier compte rendu, nommé **Import_Envt.LOG**. Le fichier constitué est identifié précisément sous la forme ci-dessous (aaaammjj représente la date de création et r un numéro qui différencie les éventuels fichiers créés le même jour).

EV2231429031-aaaammjj_r.goc

Ces deux fichiers sont stockés dans le répertoire **C:\Geedoc\Export\Envt\Retour**

Chapitre Edition

Bouton «Transfert FTP»

C'est la dernière étape du traitement de réception. Elle permet de transférer le fichier précédemment créé vers la base de données, où la procédure de mise à jour de la table ENVT sera mise en route.

Noter que la procédure propose le transfert du fichier dès la fin du traitement de création.

c) Description de la table ENVT (résultat autopsie)

	Nom	Code	Type	
	Espèce	ESPECE	CHAR(1)	
	Production	PROD	CHAR(1)	
	Elevage	ELV_PROD	CHAR(8)	
	Numéro Naisseur	ELV_NE	CHAR(8)	
	Numéro animal	ID_ANIMAL	CHAR(6)	
	Etat au départ	E_DEPART	CHAR(2)	"ME" mort entier "MT" mort tête "V" vivant
	Observation signes cliniques	D_SCT	DATE	
	Commentaires élevage	OBS	VARCHAR2(200)	
X	Arrivée Ecole	D_ARRIVEE	DATE	
X	Etat a l'arrivée	E_ARRIVEE	CHAR(1)	"M" mort "V" vivant
X	Date de mort	D_MORT	DATE	
X	Type de mort	TYP_MORT	CHAR(1)	"E" euthanasie "N" ou non
	Type d'infection	TYP_INFECTIION	CHAR(2)	"VO" Voie orale "N" naturelle
X	Numéro Pathologie	PATHOB	CHAR(8)	
X	Anapath	ANAPATH	CHAR(10)	
X	Histo_tble	HISTO_TBLE	CHAR(2)	"+" positif "-" négatif "D" douteux "P" perdu ND non déterminé
X	IHC tronc cérébral	IHC_TRONC	CHAR(2)	Idem Histo_tble
X	IHC plexmy	IHC_PLEXMY	CHAR(2)	Idem Histo_tble
X	IHC lymphoïde	IHC_LYMPH	CHAR(2)	Idem Histo_tble
	IHC nœud iléal	IHC_NILEAL	CHAR(2)	Idem Histo_tble
X	Tremblante clinique confirmée	TCC	CHAR(1)	"O" oui
X	Histologie autre	HISTO_AUTRE	VARCHAR2(300)	
X	Conclusions nécropsiques	CCL_NECROP	VARCHAR2(300)	
	Mise a jour	D_MAJ	DATE	

La présence d'un X dans la première colonne signale que l'information doit être fournie par l' ENVT. Les éléments "grisés" signalent les nouvelles informations.

d) Mise à jour de la base

La mise à jour de la table "ENVT" se fait en différé par des procédures «lancées» automatiquement (midi et soir). Le traitement s'accompagne des contrôles suivants

- ✓ L'animal traité doit être répertorié dans l'élevage.
- ✓ Il doit avoir l'information d'envoi à l' ENVT.
- ✓ La date d'entrée à l' ENVT doit être identique ou postérieure à la date d'envoi.
- ✓ Si l'animal est parti vivant, la date de mort doit être identique ou postérieure à la date de départ pour l' ENVT.
- ✓ La compatibilité entre l'état de l'animal au départ du domaine et à son arrivée à l' ENVT est vérifiée.
- ✓ S'il existe déjà un numéro «PATHOB» sur l'animal dans la table "ENVT", les informations reçues ne sont pas prises en compte.

Le compte-rendu des traitements peut être consulté à l'aide de la rubrique «journal». La ligne correspondant au traitement «Retour ENVT» indique le nombre d'animaux traités ainsi que les animaux en erreur. Un double-clic sur la ligne affiche le compte-rendu complet.

*En complément de la mise à jour des données d'autopsie, les **informations de départ** (cause, code et date) qui sont ici associées à la mort de l'animal sont complétées dans la table «ANIMAL» en fonction des résultats reçus. Le tableau résume les décisions prises.*

Signes cliniques Tremblante	Code de Mise à l' écart	Résultat histologie tremblante	Résultat IHC Tronc cérébral	Code Départ Table Animal
OUI	# 48	positif (+) négatif(-) négatif(-)	positif (+) négatif(-)	48 48 Code Ecart
OUI	48	positif (+) négatif(-) négatif(-)	positif (+) négatif(-)	48 48 ?
NON	# 48 # 48 # 48	positif (+) négatif(-) négatif(-)	positif (+) négatif(-)	48 Code Ecart Code Ecart

*Dans tous les cas présentés dans le tableau, la cause départ est **2** (mort), la date départ est la date de mort*

Dans le cas «?» la zone code départ ne sera pas renseignée, de même que dans tous les autres cas non indiqués (histologie tremblante et ihc_.. non renseignés ou marqués "D", "P" ou "ND").

Données Morphologie Mamelle

a) Logiciel «Pointage Mamelles» (rappel)

Ce module, *indépendant*, permet le chargement d'un appareil de saisie portable de type FS2 en vue d'enregistrer un certain nombre de variables caractérisant les morphologies des mamelles de brebis laitières. Ce module comprend deux parties : une sur le micro, qui permet de sélectionner, charger et décharger les différents fichiers, l'autre sur l'appareil de saisie lui-même qui permet d'enregistrer les données sur le terrain. Cette application est utilisée chez les professionnels sélectionneurs, ainsi que sur le Domaine de La Fage. Actuellement, **six** variables sont enregistrées en unité expérimentale et seulement **quatre** dans les élevages privés.

Il y a deux types de traitements.

- Elevages privés : Identification brebis et pointages simultanés.
- La Fage : Identification brebis et pointages dissociés.

b) Cas de La Fage.

(i) Identification des brebis sur le quai:

*L'identification des brebis se fait à l'aide de l'idlogger. C'est un chantier séparé du pointage. On lit le numéro de l'animal à partir du quai et on enregistre manuellement les numéros de **lot et place**.*

(ii) Pointage dans la fosse sur le boîtier:

*Le ou les pointeurs travaillent en fosse. Il est indispensable de renseigner **le lot et la place** pour chaque animal.*

(iii) Variables enregistrées.

ANGLE: angle des trayons (valeurs de 1 à 9)
SILLON: sillon (valeurs de 1 à 9)
PL_JARRET: hauteur plancher-jarret (valeurs de 1 à 9)
DESEQ: déséquilibre (valeurs de 1 à 4)
ATTACHE: largeur de l'attache de la mamelle / hauteur de la mamelle (valeurs de 2 à 9)
POSTRAY: position antéro-postérieure du trayon (valeurs de 1 à 4)

(iv) Retour Informations.

L'information complète, permettant d'associer le numéro de l'animal à ses données, se retrouve dans les deux fichiers suivants :

-  Le fichier reçu de L'IDLOGGER (identification)
-  Le fichier reçu du FS2 (données).

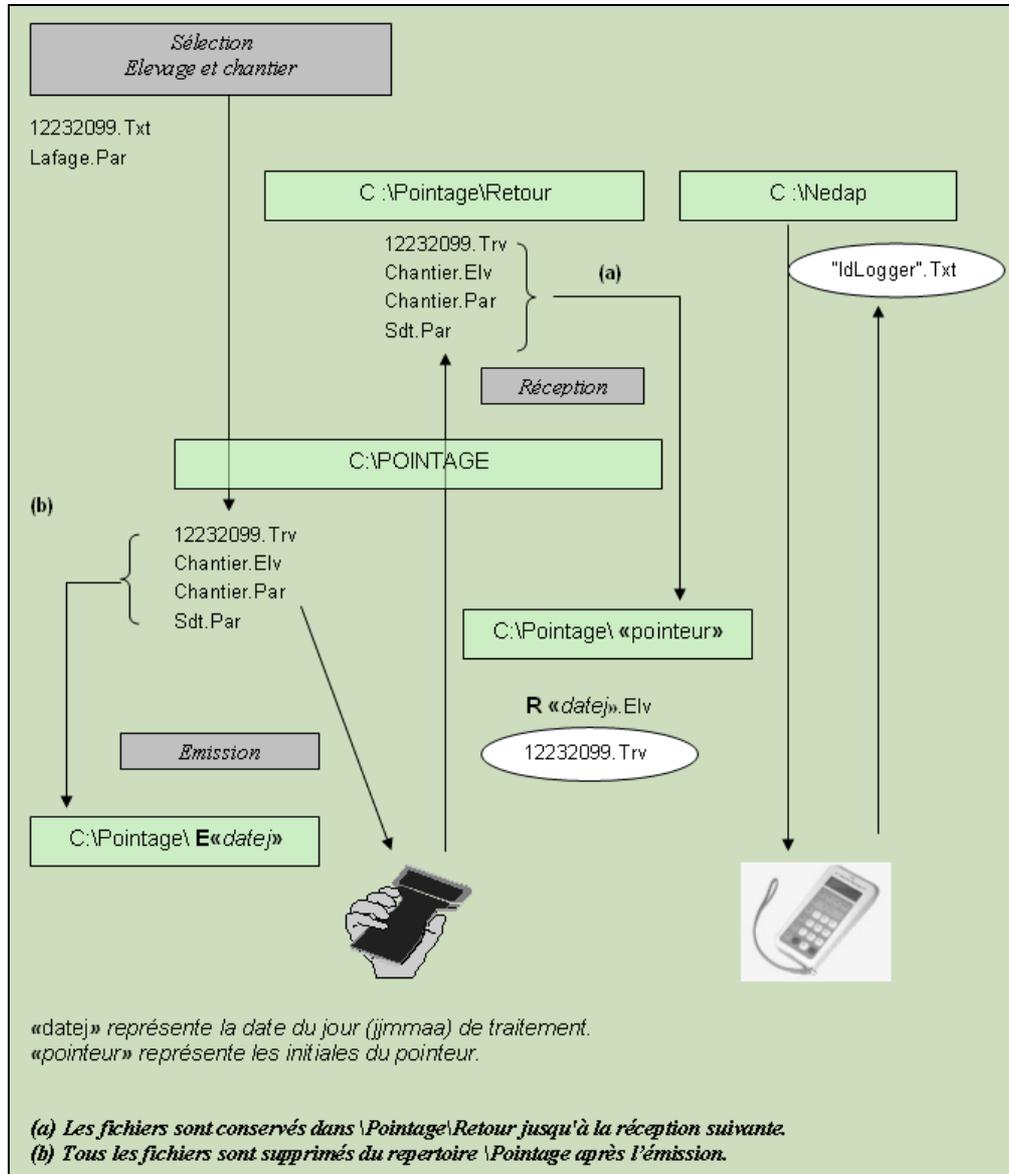
Dans le schéma ci-après, sont indiqués l'ensemble des fichiers utilisés ainsi que leur répertoire de stockage. Les deux fichiers utiles sont identifiés ainsi :

⇒ **12232099.TRV** pour les données

⇒ **"IDLOGGER".TXT** pour l'identification. "IDLOGGER" représente le nom donné par l'utilisateur au déchargement de l'appareil.

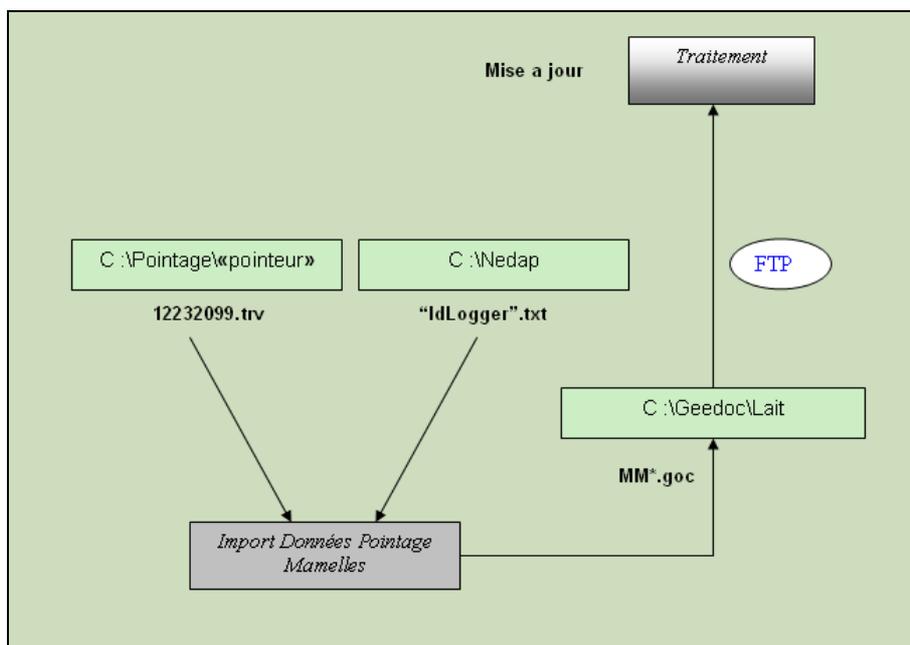
Note La procédure de déchargement prend en compte l'identité du pointeur. A chaque réception, le fichier des données relatif à un pointeur est stocké dans le répertoire associé.

(v) Circulation de l'information



c) Importer les données

A partir des deux fichiers produits par le logiciel «Pointage Mamelles», constituer un fichier d'interface "goc" avec la base de données GEEDOC. Ce fichier permettra la mise à jour de la table PMM_ANIM de stockage des informations.



d) Description du fichier "IdLogger".txt

Le chantier associé à l'identification est défini une fois. Il correspond aux trois premières lignes du fichier. On note que la lecture de la boucle est demandée sur huit chiffres, le résultat renvoyé est sur 7, le premier caractère 5 est l'abrégié de 05 (code de La Fage programmé dans la boucle devant le numéro).

```

ANIMAL n 0 99999999 0
ordre n 0 9999 0
DATE da * *
5000032 135 210105
5000133 141 210105
  
```

e) Description du fichier "12239099".Trv

		Pos	Lgr	
Enregistrement [1] informations chantier	Numéro INSEE de l'élevage	1	8	=12232099
	Heure début traite du matin	9	6	format <u>hhmmss</u>
	Heure fin traite du matin	15	6	
	Heure début traite du soir	21	6	
	Heure fin traite du soir	27	6	
	Heure début de chantier	33	6	
	Heure fin de chantier	39	6	
	Code type de salle de traite	45	2	
	Nombre de place par lot	47	2	
	Initiales du pointeur	49	20	3 caractères cadrés à gauche
	Nombre total de brebis pointées	69	6	y compris les doubles
	Date du pointage	75	8	format <u>jjmmaaaa</u>
	Mode de saisie	83	1	F = en direct V = en différé

Chapitre Edition

		Pos	Lgr	
Enregistrement [2]		1	23	
informations	variable 1	24	20	=POSTRAY
variables	variable 2	44	20	=ANGLE
	variable 3	64	20	=SILLON
	variable 4	84	20	=PL_JARRET
	variable 5	104	20	=DESEQ
	variable 6	124	20	=ATTACHE
		Pos	Lgr	
Enregistrements	Numéro INSEE de l'élevage	1	8	=12232099
suivants	Numéro Brebis ou Lot-Place	9	6	
		15	1	=0
	Rang ordre pointage brebis	16	6	
	Code double	22	2	
	Date jour pointage	24	6	format <u>jjmmaa</u>
	Note variable 1	31	1	
	date	44	6	date pointage
	Note variable 2	51	1	
	date	64	6	date pointage
	Note variable 3	71	1	
	date	84	6	date pointage
	Note variable 4	91	1	
	date	104	6	date pointage
	Note variable 5	111	1	
	date	124	6	date pointage
	Note variable 6	131	1	
	Observation notée	144	20	
	Date jour de saisie	164	8	format <u>jjmmaaaa</u>
	Heure de saisie	172	6	format <u>hhmmss</u>

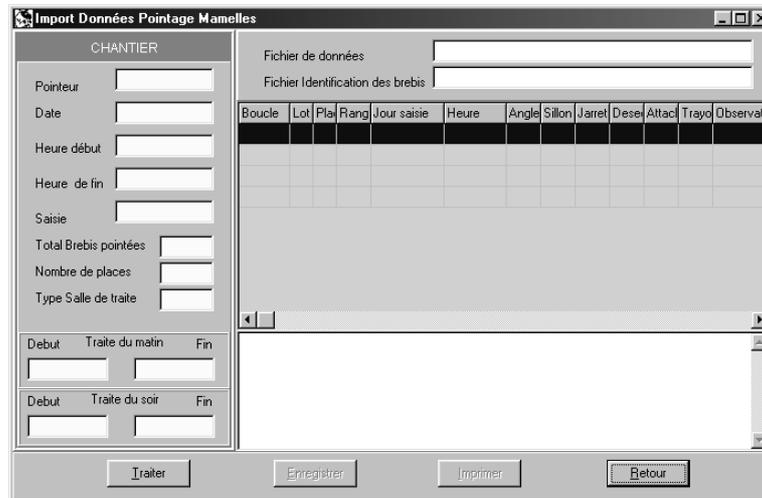
NOTE

L'ordre de saisie des variables est celui indiqué dans le deuxième enregistrement. C'est ordre est défini dans le fichier «**Lafage.par**» (voir notice d'utilisation du logiciel "Pointage Mamelles"). Quel que soit cet ordre, et donc la position des variables, le programme se charge de les ranger dans l'ordre défini dans le fichier interface.

f) Préparation du fichier

*L'appel de la procédure se fait depuis le menu «**Importer**», dans la rubrique «**Données Pointages Mamelles**». L'écran affiché se présente comme ci-dessous, dans lequel on distingue plusieurs zones*

- ✓ A gauche, la fenêtre "Chantier" qui va afficher le premier enregistrement du fichier de données
- ✓ A droite, en haut le nom des fichiers analysés
- ✓ A droite au centre, la grille contenant les informations.
- ✓ A droite en bas, une fenêtre d'affichage du compte-rendu du traitement.



Bouton Traiter

Le programme va afficher une première boîte de dialogue dans lequel l'utilisateur doit sélectionner **le fichier des données**. Le répertoire affiché est le répertoire de travail utilisé par le logiciel «Pointage», c'est à dire **C:\Pointage**. Dans celui-ci doivent apparaître les sous répertoires associés aux noms de pointeurs (trois caractères correspondants aux initiales). Choisir celui à traiter, puis sélectionner le fichier "12232099".trv.

La procédure lit le fichier. Le premier enregistrement fournit les informations affichées dans la fenêtre de gauche. Les données sont affichées dans la grille de droite. La colonne "Boucle" (numéro animal) n'est pas renseignée.

⇒ Le seul contrôle effectué ici, est de vérifier qu'il s'agit bien d'un fichier de données de pointage.

⇒ Ne sont traités que les enregistrements ayant un **rang** (ordre) de saisie renseigné (> 0).

Le programme affiche une deuxième boîte de dialogue dans lequel l'utilisateur doit sélectionner **le fichier d'identification des animaux**. La procédure va vérifier

⇒ Que le fichier proposé est bien un fichier identification

⇒ Que la date du chantier de pointage est la même que celle du chantier d'identification.

Ensuite le numéro de boucle est extrait pour chaque correspondance **lot** et **place**. Toute anomalie sera affichée dans la fenêtre du compte-rendu.

Bouton Enregistrer

Il permet de lancer la création du fichier destiné à la base de donnée, pour une mise à jour ultérieure de la table «PMM_ANIM». Ce bouton est actif si le traitement préalable s'est déroulé correctement. Les anomalies rencontrées au moment de la confrontation lot et place, n'empêchent pas de générer le fichier.

Le compte-rendu du traitement est affiché dans la fenêtre, comme le montre la figure ci-dessus.

Le fichier constitué est stocké dans le répertoire **C:\Geedoc\Lait** avec une identification précise de la forme

MM2112232099-aaaammjj_xxx.goc

Dans lequel **aaaammjj** représente la date de création du fichier et **xxx** les initiales du pointeur.

Bouton Imprimer

Il permet d'imprimer les données traitées correctement (celles affichées dans la grille).

Bouton Retour

Toutes les informations affichées dans le compte-rendu sont copiées dans un fichier compte rendu, nommé **RetourPMM-jjmmaa.log** (jjmmaa représente la date du jour du traitement) et stocké dans le répertoire **C:\Geedoc\Lait**

g) Format du fichier généré

Préfixe

Espèce (1)-Production (1)-Elevage de Traitement (8) (col 1 - 10)

<u>Information</u>	<i>Pos</i>	<i>Lgr</i>	
<i>Identité du pointeur</i>	<i>11</i>	<i>3</i>	<i>Initiales en majuscules</i>
<i>Date du pointage</i>	<i>14</i>	<i>6</i>	<i>format jjmmaa</i>
<i>Numéro de boucle</i>	<i>20</i>	<i>6</i>	
<i>Numéro de Lot</i>	<i>26</i>	<i>2</i>	
<i>Numéro de la place</i>	<i>28</i>	<i>2</i>	
<i>Ordre passage saisie</i>	<i>30</i>	<i>4</i>	
<i>Angle</i>	<i>34</i>	<i>1</i>	
<i>Sillon</i>	<i>35</i>	<i>1</i>	
<i>Plancher jarret</i>	<i>36</i>	<i>1</i>	

<i>Déséquilibre</i>	37	1	
<i>Attache</i>	38	1	
<i>Trayon</i>	39	1	
<i>Observation</i>	40	20	
<i>Date de saisie</i>	60	6	<i>format jjmmaa</i>
<i>Heure de saisie</i>	66	6	<i>format hhmmss</i>

h) Transfert FTP

C'est la dernière étape. L'appel se fait à partir du menu «Lait», sous-menu «Transfert FTP» dans la rubrique «Fichier pointage mamelle». Elle permet de transférer le fichier précédemment créé vers la base de données, où la procédure de mise à jour de la table sera mise en route.

Note

Le fichier est sauvegardé dans le répertoire **C:\Geedoc\Sauv** après son transfert.

Exporter des données

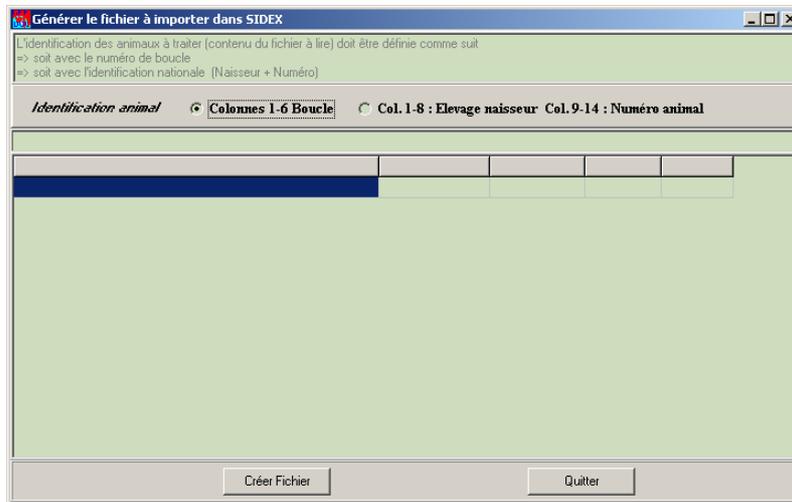
Lien vers SIDEX

L'objet de cette procédure est de générer un fichier d'animaux extraits de la base GEEDOC, qui seront intégrés à la base de données SIDEX. Le format de ce fichier est décrit plus loin.

L'appel de la rubrique se fait depuis le menu "Edition", sous menu «**Exporter des données**».

a) Préalable

La liste des animaux à extraire doit être fournie séparément dans un fichier généré par l'utilisateur. Deux formats de lecture de ce fichier sont autorisés, ce fait est rappelé dans l'en-tête de la fenêtre affichée à l'appel de la procédure.



Il faut donc indiquer si la recherche se fera à partir du numéro de boucle (colonnes 1 à 6) ou du numéro national complet, élevage naissance et numéro (colonnes 1 à 14).

b) Création du fichier

Le bouton «Créer Fichier» va effectuer les opérations suivantes

⇒ Demander le nom du fichier à créer, destinés à SIDEX. Pour cela une boîte de dialogue s'affiche, le répertoire d'enregistrement du fichier proposé est

- «C:\sidex\applications\import\geedoc» si celui-ci existe sur le micro
- «C:\geedoc\export\sidx» dans l'autre cas

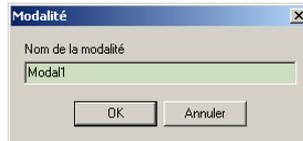
L'extension du fichier est toujours «TXT».

⇒ Demander le nom du fichier à lire, contenant la liste des animaux à extraire. Ce fichier doit avoir une extension «TXT». Le répertoire de lecture proposé par défaut est «C:\geedoc», le fichier peut être stocké ailleurs.

⇒ Demander de définir le nom du protocole auquel appartiennent les animaux



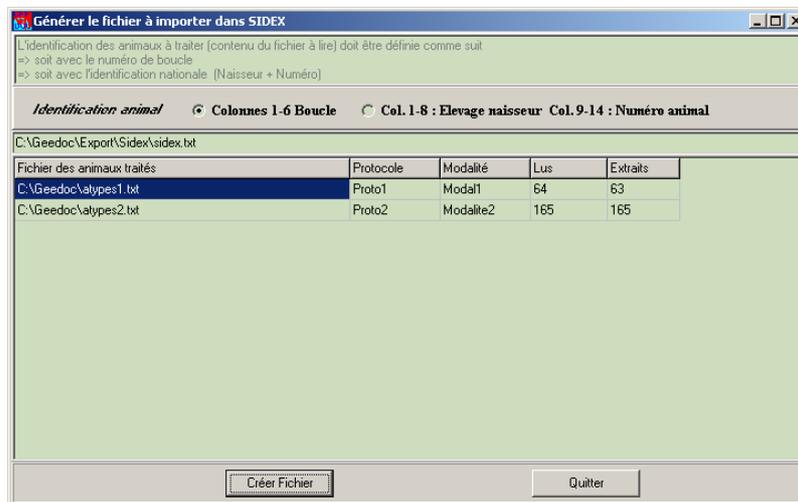
⇒ Demander de définir le nom de la modalité.



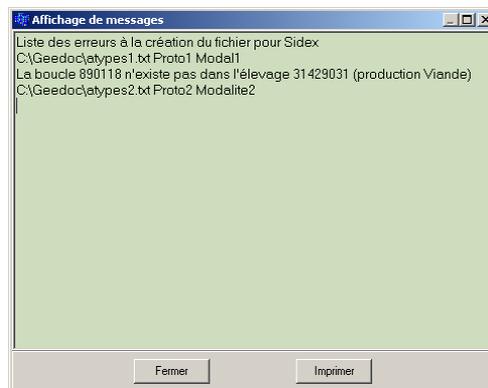
Remarque

Après le traitement d'un groupe "Fichier lu / Protocole / Modalité" le programme permet de traiter un autre fichier, c'est-à-dire un autre ensemble "Fichier lu / Protocole / Modalité".

Le résultat du traitement est présenté de la façon suivante :



Pour chaque fichier lu (le nom complet est indiqué), le nombre d'animaux traités est affiché, ainsi que leur destination (protocole et modalité). Le nom complet du fichier à exporter vers SIDEX est rappelé dans la ligne située au dessus de la grille des fichiers traités. Le compte-rendu du traitement peut être consulté et imprimé si besoin



c) Structure du fichier exporté

Ci-dessous la liste des variables à créer, et dans cet ordre, dans le fichier. La longueur indiquée est une longueur "maximum".

	Longueur	
<i>Elevage Naisseur</i>	8	
<i>Numéro Animal</i>	6	
<i>Millésime</i>	4	
<i>Boucle</i>	6	
<i>Identification électronique</i>	20	
<i>Identification Repérage</i>	6	
<i>Identification Officielle</i>	20	
<i>Pays</i>	3	250 (France)
<i>Sexe</i>	1	0 = inconnu 1 = mâle 2 = femelle
<i>Espèce</i>	2	1 = Caprin 2 = Ovins
<i>Application</i>	3	3 (Geedoc)
<i>Nom du Protocole</i>	254	
<i>Nom Modalité</i>	254	

- ✓ Tous les champs sont obligatoires
- ✓ Elevage Naisseur, Numéro Animal, Millésime, Boucle et U.E. actuelle doivent être renseignés avec le nombre maximum de caractères autorisés.
- ✓ Les variables Espèce, Application, Protocole et Modalités peuvent être de longueur inférieure à la taille maximum.
- ✓ Les informations inconnues sont renseignées avec la valeur 0.
- ✓ Les champs sont séparés par le caractère «|». Ce caractère termine obligatoirement une ligne.
- ✓ Les lignes commençant par «//» sont des commentaires.

Mises à jour

«*Identification électronique*» contient le numéro 'boucle' de l'animal cadré à droite.

«*Identification Repérage*» contient le lot physique de l'animal cadré à droite (mai 2007).

«*Identification officielle*» contient le numéro IPG de la table animal (mars 2009).

Exemple de fichier créé

La deuxième ligne mémorise les noms du protocole et de la modalité suivis du nom du fichier contenant les animaux lus. Il y a autant de lignes de ce type, qu'il y a de fichiers traités en lecture. Chacune d'elles est suivie de l'ensemble des animaux concernés.

Chapitre Edition

```
// Exportation des animaux de Geedoc
// Protocole Modalite 1 C:\Geedoc\expel.txt
31429031|020698|2002|020698|00000000000000020698|000000|00000000000000000000|250|2|2|3|Protocole|Modalite 1|
31429031|020711|2002|020711|00000000000000020711|000000|00000000000000000000|250|2|2|3|Protocole|Modalite 1|
31429031|020732|2002|020732|00000000000000020732|000000|00000000000000000000|250|2|2|3|Protocole|Modalite 1|
31429031|030145|2003|030145|00000000000000030145|000000|00000000000000000000|250|2|2|3|Protocole|Modalite 1|
31429031|030303|2003|030303|00000000000000030303|0000RE|00000000000000000000|250|2|2|3|Protocole|Modalite 1|
31429031|030314|2003|030314|00000000000000030314|000000|00000000000000000000|250|2|2|3|Protocole|Modalite 1|
31429031|040120|2004|040120|00000000000000040120|000000|00000000000000000000|250|2|2|3|Protocole|Modalite 1|
31429031|040734|2004|040734|00000000000000040734|0000RE|00000000000000000000|250|2|2|3|Protocole|Modalite 1|
31429031|050194|2005|050194|00000000000000050194|000000|00000000000000000000|250|2|2|3|Protocole|Modalite 1|
31429031|051085|2005|051085|00000000000000051085|0000RE|00000000000000000000|250|2|2|3|Protocole|Modalite 1|
31429031|060132|2006|060132|00000000000000060132|000000|00000000026632860132|250|2|2|3|Protocole|Modalite 1|
31429031|060142|2006|060142|00000000000000060142|000000|00000000026632860142|250|2|2|3|Protocole|Modalite 1|
31429031|060291|2006|060291|00000000000000060291|000000|00000000026632860291|250|2|2|3|Protocole|Modalite 1|
31429031|070422|2007|070422|00000000000000070422|000000|00000000026632870422|250|2|2|3|Protocole|Modalite 1|
31429031|071370|2007|071370|00000000000000071370|000000|00000000026632871370|250|2|2|3|Protocole|Modalite 1|
// Protocole Modalite 2 C:\Geedoc\expe2.txt
18174901|060610|2006|060610|00000000000000060610|0000RE|00000000020000160610|250|2|2|3|Protocole|Modalite 2|
18174901|060636|2006|060636|00000000000000060636|000000|00000000020000160636|250|2|2|3|Protocole|Modalite 2|
31429031|090013|2009|090013|00000000000000090013|000000|00000000026632890013|250|1|2|3|Protocole|Modalite 2|
31429031|090032|2009|090032|00000000000000090032|000000|00000000026632890032|250|2|2|3|Protocole|Modalite 2|
31429031|090034|2009|090034|00000000000000090034|000000|00000000026632890034|250|1|2|3|Protocole|Modalite 2|
31429031|090043|2009|090043|00000000000000090043|000000|00000000026632890043|250|1|2|3|Protocole|Modalite 2|
31429031|090044|2009|090044|00000000000000090044|000000|00000000026632890044|250|2|2|3|Protocole|Modalite 2|
31429031|090049|2009|090049|00000000000000090049|000000|00000000026632890049|250|1|2|3|Protocole|Modalite 2|
31429031|090051|2009|090051|00000000000000090051|000000|00000000026632890051|250|1|2|3|Protocole|Modalite 2|
31429031|090070|2009|090070|00000000000000090070|000000|00000000026632890070|250|1|2|3|Protocole|Modalite 2|
31429031|090071|2009|090071|00000000000000090071|000000|00000000026632890071|250|2|2|3|Protocole|Modalite 2|
31429031|090072|2009|090072|00000000000000090072|000000|00000000026632890072|250|2|2|3|Protocole|Modalite 2|
31429031|090076|2009|090076|00000000000000090076|000000|00000000026632890076|250|2|2|3|Protocole|Modalite 2|
31429031|090077|2009|090077|00000000000000090077|000000|00000000026632890077|250|1|2|3|Protocole|Modalite 2|
31429031|090101|2009|090101|00000000000000090101|000000|00000000026632890101|250|1|2|3|Protocole|Modalite 2|
31429031|090127|2009|090127|00000000000000090127|000000|00000000026632890127|250|1|2|3|Protocole|Modalite 2|
31429031|090133|2009|090133|00000000000000090133|000000|00000000026632890133|250|1|2|3|Protocole|Modalite 2|
31429031|090148|2009|090148|00000000000000090148|000000|00000000026632890148|250|1|2|3|Protocole|Modalite 2|
31429031|090151|2009|090151|00000000000000090151|000000|00000000026632890151|250|1|2|3|Protocole|Modalite 2|
31429031|090158|2009|090158|00000000000000090158|000000|00000000026632890158|250|2|2|3|Protocole|Modalite 2|
31429031|090164|2009|090164|00000000000000090164|000000|00000000026632890164|250|2|2|3|Protocole|Modalite 2|
31429031|090169|2009|090169|00000000000000090169|000000|00000000026632890169|250|2|2|3|Protocole|Modalite 2|
// Fin exportation des animaux de Geedoc
```

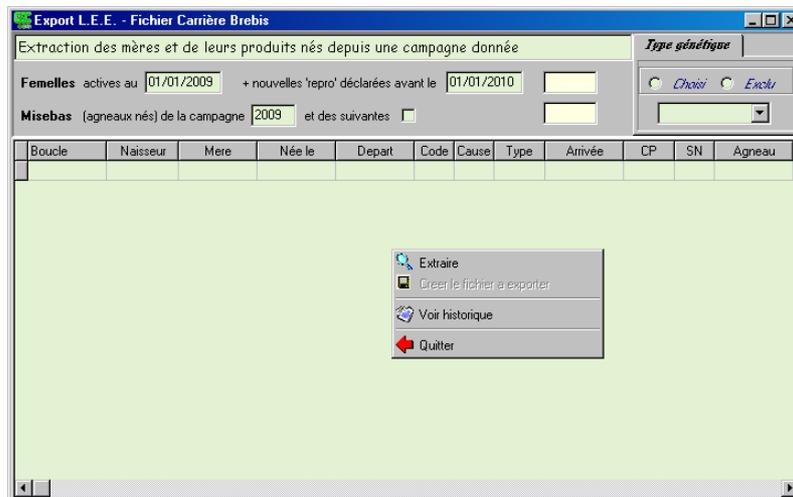
Laboratoire Economie Elevage (Clermont-Theix)

Module fonctionnel pour le domaine de La Fage, troupeau parcours (viande) ainsi que pour La Sapinière. Il assure l'interface avec le logiciel "ECTOR" du Laboratoire d'économie de l'élevage de THEIX.

Appel de la rubrique depuis le menu "**Edition**". L'extraction des données à envoyer se fait à partir du menu «**Exporter**», dans la rubrique «**L.E.E. CLERMONT THEIX**».

a) Extraction des données

Le menu des traitements s'obtient avec le bouton droit de la souris.



Extraire

Ce bouton devient actif lorsque l'on modifie la campagne de mise bas. Le programme va considérer.

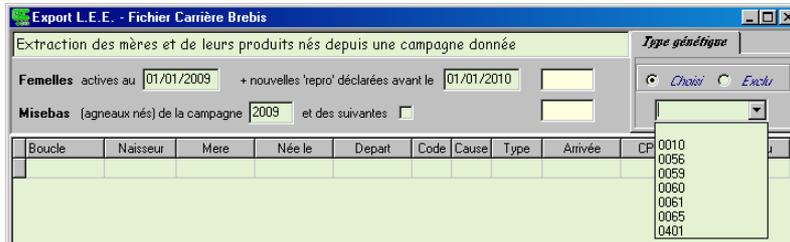
- toutes les femelles reproductrices présentes at la date indiquée ("**actives au**").
- toutes les femelles déclarées reproductrices avant la date indiquée ("**déclarées avant le**").

A partir de cet effectif là, le programme va rechercher tous les produits issus de la mise bas correspondant à la campagne indiquée, ainsi que les suivantes si le bouton ("**et des suivantes**") est coché

⇒ Aucun contrôle n'est fait sur les dates indiquées (validité et chronologie) ni sur la campagne. Veiller à la cohérence de l'ensemble.

⇒ Pour extraire les données en routine (campagne par campagne), il suffit de considérer les femelles présentes au 1^{er} janvier de l'année correspondant à la campagne, et les déclarations de reproducteurs jusqu'au 1^{er} janvier de l'année suivante.

Restriction



On peut restreindre le traitement sur les types génétiques (exclusion ou choix). La liste proposée est celle obtenue en considérant les femelles ayant mis bas dans la (les) campagne(s) indiquée(s).

Créer le fichier à exporter

Actif lorsque la recherche fournit des données. Il permet de lancer la création du fichier destiné au logiciel «ECTOR». Il crée le fichier carrière brebis décrit plus loin. La création se fait en deux étapes. Une première recherche des femelles ayant une information de mis bas (vraie ou déclarée vide), ensuite une recherche des femelles n'ayant aucune information de mise bas.

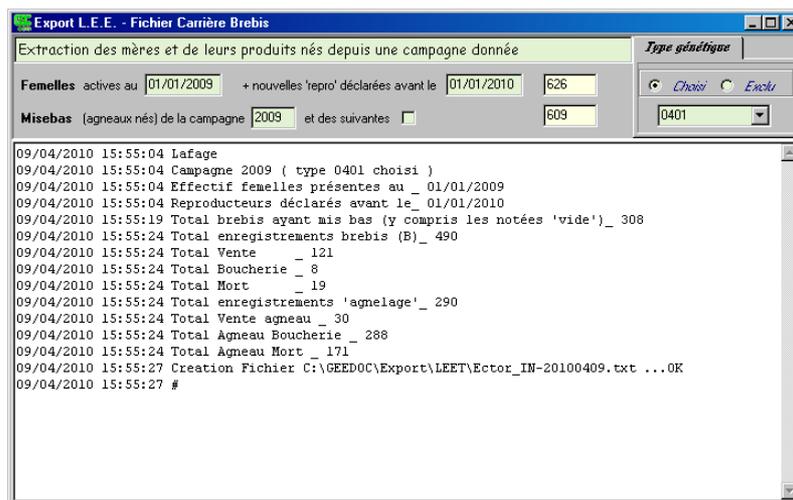
Le fichier est stocké dans le répertoire `C:\Geedoc\Export\LEET` avec une identification de la forme

ECTOR_IN-aaaammjj.txt

où `aaaammjj` représente la date de création.

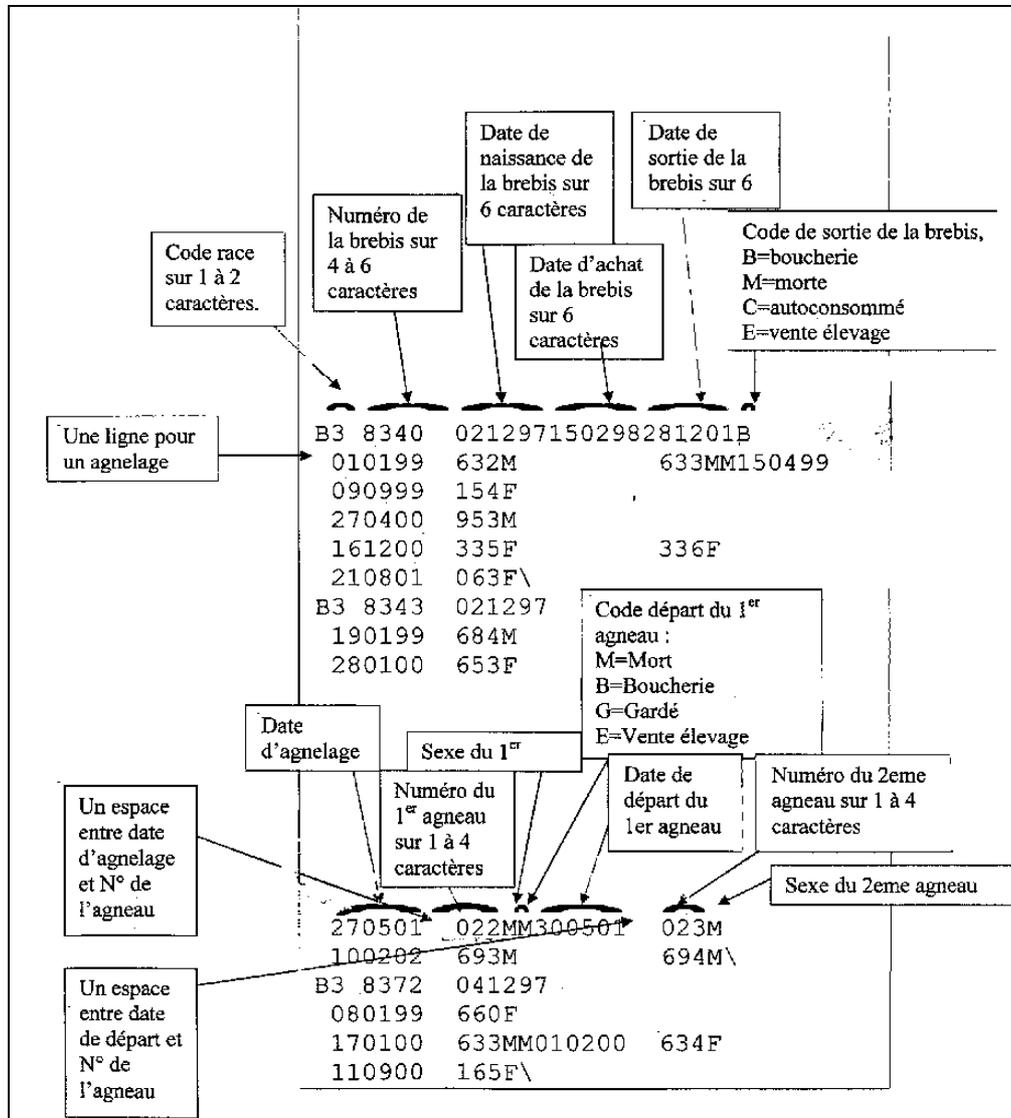
Voir historique

Après chaque traitement effectué, un compte-rendu est affiché. Ce compte-rendu est stocké dans le fichier `C:\GEEDOC\Export\LEET\Ector_in.LOG`, et peut être à tout moment consulté. Pour quitter la consultation, il faut 'double-cliquer' dans la zone du texte affiché.



b) Structure du fichier 'carrière brebis'

⇒ La carrière d'une brebis commence par un B et se termine par «\»



c) Règles de génération des enregistrements

Ligne brebis

⇒ Le code race de la brebis est constitué des deux derniers caractères du type génétique (59-60-61). Le type 401 est codifié 64 (chaîne nationale).

⇒ Le numéro de la brebis est le numéro de boucle (six chiffres).

⇒ Le code de sortie de la brebis devient «B» pour les codes départ 09, «E» pour les codes départ 21 et «M» pour tous les autres.

Ligne agnelage

⇒ Le numéro agneau est constitué de quatre chiffres, qui correspondent au rang de l'agneau intra millésime.

Chapitre Edition

⇒ Le sexe est «**M**» pour les males (1), «**F**» pour les femelles (2) et «**I**» pour les autres (3).

⇒ Code de départ de l'agneau

Pour chaque agneau traité, si une date de déclaration de reproducteur est présente, alors un code départ «**G**» est inscrit à l'agneau et associé à cette date
Sinon le code départ devient «**B**» pour les codes départ **05** (carcasse contrôlée) et **06** (sans contrôle), «**E**» pour les codes départ **21** et «**M**» pour tous les autres.