

Table S1. Genetic and phenotypic correlations between conformation traits¹ in Chinese Holsteins.

Traits ²	ST	HFE	TS	CW	BD	LS	PS	PW	FAN	HD	BQ	SORL	RLRV	UD	UT	MSL	FA	FTP	FTL	RAH	RAW	RTP	ANG
ST		0.64	0.95	0.48	0.23	0.23	0.46	0.57	0.20	0.20	0.06	-0.35	0.32	0.41	-0.12	0.17	0.29	0.30	0.15	-0.01	0.14	0.39	0.09
HFE	0.31		0.54	-0.03	0.08	0.11	0.93	0.38	0.17	-0.04	0.08	-0.08	0.01	0.24	0.35	0.42	0.01	-0.07	0.69	-0.16	0.27	0.46	-0.20
TS	0.68	0.35		0.24	0.09	0.29	0.36	0.65	-0.04	0.08	0.56	-0.53	0.47	0.26	0.24	0.31	-0.10	0.28	0.72	-0.23	0.44	0.51	0.69
CW	0.24	0.07	0.31		0.15	0.76	0.32	0.60	-0.45	-0.15	0.05	-0.12	0.28	-0.08	0.27	0.34	0.47	0.14	0.22	-0.01	0.37	0.17	0.27
BD	0.24	0.20	0.34	0.18		0.20	-0.22	-0.13	-0.16	0.16	0.03	0.12	0.05	0.02	0.23	-0.16	-0.13	-0.02	0.15	-0.24	0.01	-0.29	0.08
LS	0.17	0.01	0.20	0.22	0.13		0.62	0.38	-0.20	0.14	0.13	0.10	0.10	0.03	0.88	0.48	0.55	0.06	0.29	0.19	0.40	0.28	0.35
PS	0.14	0.05	0.10	0.11	-0.01	0.13		0.56	0.09	0.52	-0.08	-0.07	0.28	0.04	0.32	0.36	0.24	0.03	0.27	0.22	0.10	0.51	0.28
PW	0.16	0.08	0.18	0.21	0.08	0.15	0.08		0.14	0.25	0.05	-0.13	0.49	-0.05	0.35	0.52	0.42	0.18	0.31	-0.01	0.27	0.46	0.53
FAN	0.11	0.11	0.04	-0.10	0.05	-0.07	-0.01	-0.01		0.45	0.10	0.22	0.13	0.01	-0.57	0.01	-0.27	-0.01	-0.09	0.07	-0.19	0.07	-0.20
HD	0.04	0.04	0.06	0.02	0.02	0.06	0.04	0.08	0.20		-0.56	0.58	-0.21	0.17	0.18	0.34	-0.07	0.47	-0.16	0.13	0.03	0.34	0.12
BQ	0.05	-0.03	0.14	0.09	0.08	0.17	0.01	0.04	-0.02	0.20		-0.73	0.48	-0.73	0.31	-0.11	0.30	-0.56	0.53	-0.24	0.08	-0.22	-0.27
SORL	-0.14	0.02	-0.06	0.09	-0.04	0.02	0.01	0.04	-0.09	0.14	-0.12		-0.41	0.34	0.28	0.19	-0.19	0.19	-0.34	0.11	-0.03	-0.02	0.09
RLRV	0.08	0.04	0.04	0.05	0.02	0.11	-0.02	0.10	0.07	0.01	0.16	-0.16		-0.17	0.19	0.27	0.53	-0.30	0.25	-0.21	0.31	0.08	0.30
UD	0.05	0.01	0.01	0.02	0.03	0.02	0.02	-0.02	-0.02	0.09	-0.12	0.11	-0.07		-0.06	0.16	0.28	0.04	0.12	0.04	-0.24	0.18	-0.75
UT	0.03	0.06	0.11	0.05	0.12	0.20	-0.01	0.08	-0.03	0.05	0.13	0.07	0.06	0.02		0.22	0.14	-0.37	0.64	0.05	0.15	0.28	0.88
MSL	0.03	0.05	0.05	0.06	0.05	0.15	-0.01	0.12	-0.01	0.07	0.01	0.08	0.11	0.05	0.32		0.29	0.67	-0.09	0.16	0.15	0.69	0.13
FA	0.10	0.01	0.04	0.09	0.04	0.17	-0.03	0.07	0.01	0.02	0.11	-0.05	0.14	0.16	0.17	0.23		0.12	0.15	0.12	0.12	0.22	-0.09
FTP	0.02	0.03	0.09	0.11	0.03	0.02	0.01	0.04	0.00	0.05	-0.02	0.05	-0.03	0.09	0.04	0.13	0.11		-0.57	0.12	0.06	0.49	0.36
FTL	0.08	0.03	0.12	0.09	0.06	0.09	0.05	0.05	-0.03	0.02	0.13	0.00	0.01	0.04	0.15	0.12	0.06	0.04		-0.03	0.28	-0.12	-0.33
RAH	0.04	0.01	-0.04	-0.05	0.01	0.09	0.05	0.04	0.07	0.02	-0.03	-0.01	-0.02	0.01	0.11	0.13	0.11	0.11	0.08		-0.22	0.25	0.19
RAW	0.04	0.02	0.13	0.17	0.08	0.13	0.08	0.12	-0.02	0.07	0.10	0.02	0.10	-0.13	0.16	0.12	0.08	0.04	0.11	0.21		0.17	-0.06
RTP	0.06	0.06	0.09	0.04	0.03	0.12	0.02	0.09	0.03	0.06	0.02	0.02	0.05	0.09	0.16	0.26	0.12	0.18	0.05	0.18	0.12		0.15
ANG	0.00	-0.03	0.41	0.09	0.19	0.03	-0.01	0.07	0.02	0.13	-0.11	-0.03	-0.07	-0.52	0.56	0.09	-0.01	0.07	-0.12	0.11	-0.01	0.11	

¹ The genetic correlation (above diagonal), heritability (diagonal), and phenotypic correlation (below diagonal).

² ST, stature; HFE, height at the front end; TS, trunk size; CW, chest width; BD, body depth; LS, loin strength; PS, pin setting; PW, pin width; FAN, foot angle; HD, heel depth; BQ, bone quality; SORL, set of rear legs; RLRV, rear leg-rear view; UD, udder depth; UT, udder texture; MSL, median suspensory; FA, fore attachment; FTP, fore teat placement; FTL, fore teat length; RAH, rear attachment height; RAW, rear attachment width; RTP, rear teat placement; ANG, angularity.